

**ГЕНЕТИКА ВА ЎСИМЛИКЛАР ЭКСПЕРИМЕНТАЛ
БИОЛОГИЯСИ ИНСТИТУТИ ҲУЗУРИДАГИ ИЛМИЙ ДАРАЖАЛАР
БЕРУВЧИ DSc.02/30.12.2019.В.53.01 РАҚАМЛИ ИЛМИЙ КЕНГАШ
МИРЗО УЛУҒБЕК НОМИДАГИ ЎЗБЕКИСТОН МИЛЛИЙ
УНИВЕРСИТЕТИ**

БОБОХУЖАЕВ ШУХРАТ УМАРОВИЧ

***G.HIRSUTUM* L. ТУРИГА МАНСУБ ҒЎЗАНИНГ АЛОҲИДА
ХРОМОСОМАЛАРИ АЛМАШТИРИЛГАН ШАКЛЛАРИНИНГ
ЦИТОГЕНЕТИК ТАҲЛИЛИ**

03.00.09- Умумий генетика

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

Тошкент-2021

Фалсафа доктори (PhD) диссертацияси автореферати мундарижаси
Оглавление автореферата диссертации доктора философии (PhD)
Contents of dissertation abstract of doctor of philosophy (PhD)

Бобохужаев Шухрат Умарович

G.hirsutum L. турига мансуб ғўзанинг алоҳида хромосомалари алмаштирилган шаклларининг цитогенетик таҳлили..... 3

Бобохужаев Шухрат Умарович

Цитогенетический анализ форм с замещениями отдельных хромосом у хлопчатника вида *G.hirsutum* L..... 21

Bobokhujayev Shukhrat Umarovich

Cytogenetic analysis of the forms with substitutions of the individual chromosomes of the cotton *G.hirsutum* L..... 39

Эълон қилинган ишлар рўйхати

Список опубликованных работ
List of published works 43

**ГЕНЕТИКА ВА ЎСИМЛИКЛАР ЭКСПЕРИМЕНТАЛ
БИОЛОГИЯСИ ИНСТИТУТИ ҲУЗУРИДАГИ ИЛМИЙ ДАРАЖАЛАР
БЕРУВЧИ DSc.02/30.12.2019.В.53.01 РАҚАМЛИ ИЛМИЙ КЕНГАШ
МИРЗО УЛУҒБЕК НОМИДАГИ ЎЗБЕКИСТОН МИЛЛИЙ
УНИВЕРСИТЕТИ**

БОБОХУЖАЕВ ШУХРАТ УМАРОВИЧ

***G.HIRSUTUM* L. ТУРИГА МАНСУБ ҒЎЗАНИНГ АЛОҲИДА
ХРОМОСОМАЛАРИ АЛМАШТИРИЛГАН ШАКЛЛАРИНИНГ
ЦИТОГЕНЕТИК ТАҲЛИЛИ**

03.00.09- Умумий генетика

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

Тошкент-2021

Фалсафа доктори (PhD) диссертацияси мавзуси Ўзбекистон Республикаси Вазирлар Маҳкамаси ҳузуридаги Олий аттестация комиссиясида рақам №B2018.2.PhD/B31 билан рўйхатга олинган.

Диссертация Мирзо Улуғбек номидаги Ўзбекистон Миллий Университети бажарилган.

Диссертация автореферати уч тилда (рус, ўзбек, инглиз (резюме)) Илмий кенгаш веб-саҳифаси (www.genetika.uz) манзилига ва «Ziyonet» ахборот-таълим порталининг (www.ziyonet.uz) манзилига жойлаштирилган.

Илмий раҳбар:

Санамьян Марина Феликсовна

биология фанлари доктори, катта илмий ходим

Расмий оппонентлар:

Набиев Саидгани Мухторович

биология фанлари доктори, катта илмий ходим

Эгамбердиева Саида Абдисаматовна

қишлоқ хўжалик фанлари доктори, катта илмий ходим

Етакчи ташкилот:

Тошкент давлат аграр университети

Диссертация ҳимояси Генетика ва ўсимликлар экспериментал биологияси институти ҳузуридаги DSc.02/30.12.2019.B.53.01 рақамли илмий кенгашнинг 2021 йил «9» июль кuni соат 14⁰⁰ даги мажлисида бўлиб ўтади (Манзил: 111226, Тошкент вилояти, Қибрай тумани, Юқори-юз п/б, Генетика ва ўсимликлар экспериментал биологияси институти мажлислар зали. Тел.: (+99871) 264-23-90, факс (+99871) 264-23-90, E-mail: igebr@academy.uz).

Диссертация билан Генетика ва ўсимликлар экспериментал биологияси институти Ахборот-ресурс марказида танишиш мумкин (267 рақами билан рўйхатга олинган). Манзил: 111226, Тошкент вилояти, Қибрай тумани, Юқори-юз п/б, Генетика ва ўсимликлар экспериментал биологияси институти. Тел.: (+99871) 264-23-90.

Диссертация автореферати 2021 йил «17» июль кuni тарқатилди. (2021 йил 17 июль даги 40 рақамли реестр баённомаси).



И.Дж.Курбанбаев

Илмий даражалар берувчи илмий кенгаш раиси, б.ф.д.

Б.Х.Аманов

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

Ш.Юнусханов

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

КИРИШ (Фалсафа доктори (PhD) диссертацияси аннотацияси)

Диссертация мавзусининг долзарблиги ва зарурати. Дунёда пахта хом-ашёсини етиштириш охириги йилларда 7,2 фоизга ўсиб, 24,3 миллион тоннага етиб, 30 млн гектар майдонни эгаллаган¹. Пахта ишлаб чиқарувчилар орасида етакчи ўринни Хитой, АҚШ, Покистон, Ҳиндистон ва Ўзбекистон эгаллайди. Ушбу бешта давлат дунёдаги пахтанинг 65 фоизини ишлаб чиқаради. Суғориладиган майдонларнинг қисқариб бориши пахта етиштиришда кам ресурс сарфлаш, ҳосилдорликни оширишда биотик ва абиотик омилларга чидамлик хусусиятларини яхшилаш бўйича илмий ишлар олиб боришни талаб этади. Шу ўринда, дунё миқёсида ғўзада хромосомаси алмашган линияларда тола чиқими ва сифати юқори, маҳсулдорлигини ошириш ҳамда мавжуд навларни хўжалик белгиларини такомиллаштириш асосида замон талабларига тўлиқ жавоб берадиган манбаларни яратиш муҳим амалий аҳамиятга эга.

Жаҳонда пахта ҳосилдорлигини ошириш учун генетик ва цитогенетик тадқиқотларни олиб боришга катта эътибор берилмоқда. Ғўзанинг *G.hirsutum* L. турига мансуб тўлиқ моносомик линиялар тўплами жорий давргача тўлиқ яратилмаган, чунки геномнинг **5, 8, 13, 14, 15, 19, 22** ва **24** хромосомалари бўйича моносомик линиялар олинмаган. Бу борада ғўзада моносомик линиялардан хромосомаси-алмаштирилган линиялар олишда кенг фойдаланиш бўйича илмий тадқиқот ишлари олиб борилмоқда. Алоҳида хромосомалар ёки уларнинг елкалари алмаштирилган линиялар тўпламини яратиш, *G.barbadense* L. турининг геномининг алоҳида қисмларини (алоҳида ўзига хос хромосома жуфтлари ёки алоҳида хромосома елкалари шаклида) мақсадли равишда *G.hirsutum* L. турига киритиш, ўз навбатида, бир жуфт хромосомаларининг *G.hirsutum* L. гомеологи билан ўзига хос рекомбинантларни маданий навларга ўтказиш ҳамда тола сифатини яхшилаш бўйича илмий изланишларга эътибор берилмоқда.

Мустақиллик йилларида республикамиз олимлари томонидан ғўзанинг *G.hirsutum* турига мансуб янги анеуплоид линиялар коллекцияси яратилди, моносомик линиялар ёрдамида генлар локализациялаш ва уларни идентификациялаш ҳамда янги хромосомаси-алмашган шакллардан хромосомада молекуляр маркерларнинг жойлашувини аниқлаш ҳисобига муайян натижаларга эришилди. Ўзбекистон Республикасини янада ривожлантириш бўйича Ҳаракатлар стратегиясида² “...маҳаллий тупроқ-иқлим ва экологик шароитларига мослашган қишлоқ хўжалик экинларининг янги селекцион навларини яратиш” вазифалари белгилаб берилган. Ушбу вазифалардан келиб чиққан ҳолда анеуплоид линияларни донор линияси билан частиштириш, дурагайлар орасидан цитогенетик методлар ёрдами

¹ <http://www.icac.org>.

² Ўзбекистон Республикаси Президентининг 2017 йил 7 февралдаги ПФ-4947-сонли “Ўзбекистон Республикасини янада ривожлантириш бўйича Ҳаракатлар стратегияси тўғрисида”ги Фармони.

хромосомаси-алмашган моносомик дурагай олиш, спорада ва чангчиларни пуштлилик ўрганиш, моносомик дурагайлар ичидан биоморфологик хилма-хилликни ажратиш олиш ҳамда ғўзанинг янги хромосомаси-алмашган линияларини яратиш муҳим илмий-амалий аҳамият касб этади.

Ўзбекистон Республикаси Президентининг 2017 йил 7 февралдаги ПФ-4947-сон «Ўзбекистон Республикасини янада ривожлантириш бўйича Ҳаракатлар стратегияси тўғрисида»ги, 2019 йил 17 июндаги ПФ-5742-сон «Қишлоқ хўжалигида ер ва сув ресурсларидан самарали фойдаланиш чоратадбирлари тўғрисида»ги фармонлари, 2015 йил 29 декабрдаги ПҚ-2460-сон «2016-2020 йилларда қишлоқ хўжалигини янада ислоҳ қилиш ва ривожлантириш чора тадбирлари» тўғрисидаги қарори ҳамда бошқа меъёрий-ҳуқуқий ҳужжатларда белгиланган вазифаларни амалга оширишга ушбу диссертация тадқиқоти муайян даражада хизмат қилади.

Тадқиқотнинг республика фан ва технологиялар ривожланишининг устувор йўналишларга мослиги. Мазкур тадқиқот республика фан ва технологиялар ривожланишининг V. «Қишлоқ хўжалиги, биотехнология, экология ва атроф-муҳит муҳофазаси» устувор йўналишига мувофиқ бажарилган.

Муаммонинг ўрганилганлик даражаси. Ғўзанинг *G.hirsutum* L. турида биринчи моносомик линия J.O. Beasley томонидан 1942 йилда топилган. Кўп йиллар давомида келиб чиқиши ҳар хил бўлган анеуплоид линиялар олинган (M.S. Brown, J.E. Endrizzi, 1964) ва бу линиялар кейинчалик АҚШда цитогенетик тестлар ёрдамида идентификацияланган (Endrizzi et al., 1985). ЎЗМУ да М.Ф. Санамьян ва унинг шогирдлари билан ғўзанинг *G.hirsutum* турининг янги анеуплоидлар линиялари коллекциясини яратди (М.Ф. Санамьян и др. 2000; M.F. Sanamyan et al. 2014). Уларнинг орасидан A_n -субгеномининг 2, 4, 6 ва 7, D_n -субгеномининг 18 хромосомалари бўйича моносомик линиялар, бундан ташқари 6 ва 11 хромосомалар бўйича монотелодисомик линияларни ҳозирги кунда цитогенетик ва молекуляр-генетик усуллар ёрдамида идентификацияланди (М.Ф. Санамьян и др. 2016; 2019).

Ғўзада хромосомаси-алмаштирилган линиялар яратиш биринчи марта АҚШда амалга оширилди (S. Saha et al., 2004; D.M. Stelly et al., 2005), кейинчалик уларнинг қимматли-хўжалик белгилари ўрганилди (S. Saha. et al., 2004; J.N. Jenkins et al., 2017). Хромосомаси-алмашган линияларда молекуляр-генетик тадқиқотлар ўтказилган (O.A. Gutierrez et al., 2009; S. Saha. et al., 2015; M. Ulloa et al., 2016), шунингдек, уларнинг абиотик ва биотик омилларга чидамлигини ўрганилган (M. Ulloa et al., 2016; A. Awasthi et al., 2018). Аммо, ғўзанинг *G.hirsutum* турига мансуб анеуплоид линияларининг тўлиқ тўпламининг йўқлиги сабабли, хромосомаси алмаштирилган линияларнинг барча хромосомалар бўйича тўлиқ тўпламини олиш мумкин эмас. Бундан ташқари, бир нечта муаллифлар томонидан CS-B05sh, CS-B06, CS-B07, CS-B15sh хромосомаси алмаштирилган линиялар учун молекуляр-генетик исботнинг мавжуд эмаслиги, шунингдек, ДНК захираларидан бири Chr-17 бўйича гемозигот бўлган *G.barbadense* турига

мансуб ўсимликдан келиб чиққан дейилгани ҳолда Chr-11 бўйича гемизигот бўлиб чиққанлиги, ушбу хромосомалар учун CS-линияларини яратиш учун янги тадқиқотлар олиб борилиши лозимлигини кўрсатади. Шунинг учун ғўзанинг янги анеуплоид линиялари ва янги хромосомаси-алмаштирилган линияларни олиш долзарб ва зарурдир.

Диссертация тадқиқотнинг диссертация бажарилган олий таълим ёки илмий тадқиқот муассасасининг илмий-тадқиқот ишлари режалари билан боғлиқлиги. Диссертация тадқиқотлари ЎзМУнинг илмий-тадқиқот ишларининг режасининг №Ф-5-31 «Моносомлари бир хил шаклга келтирилган ва тартибли рақамланган *Gossypium hirsutum* L. ғўзасининг моносом линиялари тўплами ёрдамида маркерли генларнинг хромосомада жойланишларини аниқлаш», №ОТ-А-ҚХ-2018-379 «Ўзанинг *G.hirsutum* L. тури тола сифатини яхшилаш, *G.barbadense* L. турининг турлараро аниқ гомолог хромосомаларидан алоҳида алмаштириш учун мақсадли дурагайлашда фойдаланиш» мавзуларидаги фундаментал ва амалий лойиҳалари доирасида бажарилган.

Тадқиқотнинг мақсади илгари олинган *G.hirsutum* L. турига мансуб анеуплоид линиялар ёрдамида алоҳида хромосомаси ёки елкалари алмаштирилган специфик хромосомаларни ёки уларнинг елкаларини *G.barbadense* L. туридан *G.hirsutum* L. турига мақсадли равишда алмаштириш орқали ғўзанинг янги турлараро анеуплоид дурагай шаклларини олиш, шунингдек уларнинг цитогенетик ва биоморфологик хусусиятларини аниқлашдан иборат.

Тадқиқотнинг вазифалари:

ЎзМУ Цитогенетик коллекциясидаги *G.hirsutum* турига мансуб идентификацияланган анеуплоид линияларининг *G.barbadense* турининг P₁м 3-79 линияси билан чатишувчанлигини ўрганиш, шунингдек F₀ да чигит тугилишини, уларнинг унувчанлигини ва F₁ ўсимликларининг яшовчанлигини таҳлил қилиш;

турлараро анеуплоид F₁ ўсимликларининг цитологик хусусиятларини таҳлил қилиш;

алоҳида хромосомаси ёки уларнинг елкалари алмашган турлараро анеуплоид F₁ ўсимликларининг биоморфологик таҳлилинини ўтказиш;

ғўзанинг *G.hirsutum* L. турининг анеуплоид линияларининг анеуплоид F₁ ўсимликлари билан чатишувчанлигини ўрганиш, шунингдек чигит тугилишининг таҳлили ва F₁BC₁ турлараро дурагай уруғларининг унувчанлиги ва F₁BC₁ ўсимликларининг яшовчанлигини тадқиқ қилиш;

турлараро анеуплоид F₁BC₁ дурагай ўсимликларининг цитогенетик таҳлилинини амалга ошириш;

алоҳида хромосомаси ёки уларнинг елкалари алмашган турлараро анеуплоид F₁BC₁ дурагай ўсимликларининг биоморфологик таҳлилинини ўтказиш;

ғўзанинг *G.hirsutum* L. анеуплоид линияларини турлараро анеуплоид F₁BC₁ дурагай ўсимликлари билан чатишувчанлигини ўрганиш,

чигит тугилиш ва F_1BC_2 турлараро дурагай уруғларининг унувчанлиги ва F_1BC_2 ўсимликларнинг яшовчанлигини аниқлаш;

турлараро анеуплоид F_1BC_2 дурагайларнинг цитогенетик таҳлилини амалга ошириш;

алоҳида хромосомаси ёки уларни елкалари алмашган турлараро F_1BC_1 анеуплоид дурагайларининг биоморфологик таҳлили.

Тадқиқотнинг объекти сифатида *G.hirsutum* L. турининг олдин идентификацияланган анеуплоид линияларини *G.barbadense* L. турининг Pima 3-79 линияси билан чатиштиришдан олинган F_1 турлараро дурагай ўсимликлари, шунингдек ғўзанинг рекуррент ота-оналар (*G.hirsutum* анеуплоид линиялари) ни турли хил F_1 ва F_1BC_1 турлараро анеуплоид дурагайлари билан чатиштиришдан олинган алоҳида хромосомаси ёки уларни елкаси алмашган беккросс дурагай ўсимликларида фойдаланилган.

Тадқиқотнинг предмети ЎзМУнинг цитогенетик коллекциясининг моносомик ва монотелодисомик линияларни *G.barbadense* турининг Pima 3-79 линияси билан чатиштиришдан олинган, алоҳида хромосомаси ёки уларнинг елкаси алмашган ғўзанинг дурагай ўсимликларини хромосомалар конъюгация хусусиятларини, мейотик индекс ва чангчиларининг пуштлилиги ўрганиш, шунингдек уларнинг турли беккросс дурагай авлодлари ҳисобланади.

Тадқиқотнинг усуллари. Диссертацияда ғўзанинг дурагайлаш ва цитогенетик таҳлили, хромосома конъюгацияси, спорада ва чангчиларни пуштлилик таҳлили, замонавий усуллари “Sporada”, “Pollen” ва “Flowers” дастурлари ҳамда илгари ишлаб чиқилган схема бўйича алоҳида хромосомаси алмашган шаклларни биоморфологик таҳлили усулларида фойдаланган.

Тадқиқотнинг илмий янгилиги қуйидагилардан иборат:

илк бор алоҳида хромосомалари (2, 4, 6, 7 ва 18) ва хромосома елкалари (6-елкаси ва 11-елкаси) алмашган турлараро анеуплоид F_1 дурагай ўсимликлари ва беккросс F_1BC_1 ва F_1BC_2 шаклларининг чатишувчанлик, чигит тугувчанлиги, уруғ унувчанлиги ҳамда яшовчанлик кўрсаткичлари аниқланган;

G.hirsutum турига мансуб моносомик ва монотелодисомик линияларни *G.barbadense* турига мансуб Pima 3-79 линияси билан чатиштириб олинган турлараро анеуплоид F_1 дурагайларда, шунингдек ғўзанинг алоҳида хромосомаси ва хромосома елкалари алмашган турлараро анеуплоид беккросс F_1BC_1 ва F_1BC_2 ўсимликларида мейознинг метафаза-I босқичида хромосома конъюгацияси ва спорадалар ҳамда чангларнинг пуштлилиги исботланган;

ғўзанинг янги F_1 турлараро анеуплоид дурагайларида, шунингдек алоҳида хромосомаси ва хромосома елкалари алмашган F_1BC_1 ва F_1BC_2 турлараро анеуплоид беккросс ўсимликларида биоморфологик таҳлил орқали 6 та хромосомалар бўйича морфологик белгилар аниқланган;

G.hirsutum турининг инбред Л-458 линияси генотиби асосида янги алоҳида хромосомалари ва хромосома елкалари алмашган F_1 турлараро анеуплоид дурагайлари ва F_1BC_1 ва F_1BC_2 беккросс шакллари олинган.

Тадқиқотларнинг амалий натижаси қуйидагилардан иборат:

ғўзада алоҳида 2, 4, 6, 7 ва 18 ногомологик хромосомалар бўйича ва 6 тело ва 11 тело хромосоманинг елкаси алмашган беккросс анеуплоид шакллар олинган, ушбу шаклларнинг цитогенетик ва биоморфологик хусусиятларни аниқланган;

ушбу хромосомаси алмашган янги дурагай шакллари ғўзада энг муҳим тола сифати белгиларини интрогрессия қилишда, янги хромосомаси алмашган линияларни яратишда, шунингдек молекуляр-генетик таҳлилларда фойдаланилди ва бир қанча белгиларни назорат қилувчи генларнинг хромосомаларда жойлашиши бўйича маркерлар аниқланди.

Тадқиқот натижаларининг ишончлилиги замонавий усуллар ва ёндашувлардан фойдаланилганлиги, илмий-тадқиқот натижаларининг республика, халқаро илмий-амалий анжуманларда муҳокамаси, етакчи илмий маҳаллий илмий журналларда ва импакт-фактори юқори бўлган хорижий журналларда чоп этилгани, шунингдек ЎзМУнинг Ноёб объекти коллекциясига хромосомаси-алмашган шакллар намуналарини киритилиши ва сақланиши билан изоҳланади.

Тадқиқот натижаларининг илмий ва амалий аҳамияти. Тадқиқот натижаларининг илмий аҳамияти ғўзанинг *G.hirsutum* L. турининг Л-458 инбред линиясининг янги генотипига *G.barbadense* L. туридан алоҳида хромосомаси ёки уларнинг елкалари алмашган дурагайлар ва беккросс шакллар ва янги хромосомаси-алмашган линияларни яратишда, қимматли-хўжалик белгиларига эга, тола сифати яхшиланган, шунингдек, биоморфологик таҳлил ёрдамида уларнинг генетик ва фенотипик хилма-хиллигини баҳолашда муҳим аҳамиятга эга эканлиги билан изоҳланади.

Тадқиқот натижаларининг амалий аҳамияти ғўзанинг алоҳида хромосомалари (2, 4, 6, 7 ва 18) ёки хромосома елкалари (6-елкаси ва 11-елкаси) алмаштирилган янги турлараро анеуплоид F_1 дурагайлари ва беккросс дурагайлари (F_1BC_1 ва F_1BC_2) нинг олиниши, шунингдек, дурагай шакллардаги бегона хромосома ёки уларнинг елкаларининг таъсири туфайли юз берган биоморфологик фарқларнинг аниқланиши билан ифодаланади. Хромосомаси алмашган линиялар тола сифатига жавобгар генларнинг қимматли манбаи сифатида ишлатилиши мумкин бўлган рекомбинант-инбред линияларни (РИЛ) яратишда, шунингдек молекуляр-генетик таҳлил ёрдамида хромосома ёки уларнинг елкарига специфик бўлган янги SSR маркерларини локализация қилиш учун дастлабки манба бўлиб хизмат қилгани билан белгиланади.

Тадқиқот натижаларининг жорий қилиниши. *G.hirsutum* L. турига мансуб ғўзанинг алоҳида хромосомалари алмаштирилган шаклларининг цитогенетик таҳлили бўйича олинган натижалар асосида:

алоҳида хромосомалари алмашган дурагай шаклларида SSR маркерлари №ҚХ-ЁА-ФА-2018-78 “Ќўзанинг (*G.hirsutum* L.) ноёб моносомик

дурагайларида нуқсонли хромосомаларни ДНК маркерлар технологияси ёрдамида аниқлаш” мавзусидаги амалий лойиҳасида молекуляр-генетик тадқиқотларда фойдаланилган (Ўзбекистон Республикаси Фанлар академиясининг 2020 йил 9 сентябрдаги 4/1255-1845-сон маълумотномаси). Натижада, хромосомаси-алмашган дурагайларда айрим специфик хромосомаларни аниқлаш имконини берган;

алоҳида хромосомаси алмашган беккросс F_1BC_2 дурагайлари “Инбред, мутант, интрогрессив ва цитогенетик линиялар генетик коллекцияси – ғўза белгиларининг синтетик ген манбаи” ноёб объектига киритилган (Ўзбекистон Республикаси Олий ва ўрта махсус таълим вазирлигининг 2020 йил 24 ноябрдаги 89-03-4913-сон маълумотномаси). Натижада, ушбу намуналар ғўзанинг генетик гермплазмаси коллекциясини бойитиш имконини берган;

хромосомалари алмашган Моб2хРiма-379 дурагайдан Россия Фанлар академияси Ботаника институтида ғўзанинг моносомик тизмаларини цитоэмбриологик тадқиқотларида фойдаланилган (Россия Фанлар академияси В.Л.Комарова номидаги Ботаника институтининг 2020 йил 15 сентябрдаги 12503/VIII-461-597-сон маълумотномаси). Натижада, ушбу намуналар цитоэмбриологик тадқиқотларда оталик ва оналик репродуктив тизимининг ривожланиши табиати, шаклланиши ва ривожланиш интенсивлигини аниқлаш имконини берган.

Тадқиқот натижаларининг апробацияси. Тадқиқот натижалари 17 та, жумладан 8 та халқаро ва 9 та республика илмий-амалий анжуманларида муҳокамадан ўтказилган.

Тадқиқот натижаларининг эълон қилиниши. Диссертация мавзуси бўйича жами 29 та илмий иш чоп этилган, шундан 1 таси монография, 3 та гувоҳнома, Ўзбекистон Республикаси Олий аттестация комиссияси томонидан докторлик диссертациясининг асосий илмий натижаларини чоп этишга тавсия этилган илмий нашрларда 12 та мақола, шундан 7 таси республика ва 2 таси хорижий журналларда чоп этилган.

Диссертациянинг тузилиши ва ҳажми. Диссертация таркиби кириш, учта боб, хулоса, адабиётлар рўйхати ва иловалардан иборат. Диссертация ҳажми 120 бетни ташкил этган.

ДИССЕРТАЦИЯНИНГ АСОСИЙ МАЗМУНИ

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

Диссертациянинг «**Айрим хромосомалар ёки уларнинг елкалари етишмовчилиги бўлган ўсимликларнинг цитологик хусусиятлари ва аллотетраплоид ғўзада хромосомаси алмашган линияларни яратиш**» деб номланган биринчи бобида диссертация мавзуси бўйича республикада ва чет элларда ўтказилган илмий изланишлар, хусусан, турли хил маданий ўсимликларда, моносомик линияларни олиш бўйича таҳлил қилинган. Анеуплоид линиялардан фойдаланган ҳолда хромосомаси алмашган (CS) янги линиялар яратиш. Ғўзада хромосомаси-алмаштирилиши тола сифатига, ҳосилдорликка, турли касаллик ва зараркунандаларга бардошлиликка ҳамда бошқа агрономик жиҳатдан қимматли хусусиятларига таъсири алоҳида қайд этилган.

Диссертациянинг «**Тадқиқот объекти ва услулари, тажриба олиб борилган ҳудуднинг иқлим шароити**» деб номланган иккинчи бобида изланишларда фойдаланилган тадқиқот манбаи ва иш шароитлари, дурагайлаш олиб бориш хусусиятлари, иссиқхона ва лаборатория шароитида цитогенетик ва биоморфологик тадқиқотлар ўтказиш хусусиятлари, шунингдек олинган натижаларни қайта ишлашда қўлланиладиган статистик усуллар баён қилинган.

Шунингдек ушбу бобда бошланғич Л-458 ва Pima 3-79 линияларининг, шунингдек ЎЗМУнинг Цитогенетик коллекциясининг анеуплоид линиялари қисқача тавсифи берилган, хромосомаси-алмашган шакллари яратиш услуби, хромосомаларни конъюгация, спорада ва чангчиларни натижаларни статистик қайта ишлаш услублари (Доспехов, 1985) келтирилган, шунингдек «Sporada», «Pollen» ва «Flowers» дастурлари ёрдамида амалга оширилди.

Диссертациянинг «**Ғўзанинг *G.hirsutum* L. турига мансуб анеуплоид линияларининг *G.barbadense* L. турининг Pima 3-79 линияси билан чатишувчанлиги**» деб номланган учинчи бобининг биринчи бўлимида 18 та идентификацияланган моносомик линиялар (**2, 4, 6** ва **18** хромосомалар бўйича) ва битта монотелодисомик (**11** хромосома бўйича) линиянинг *G.barbadense* турининг донор Pima 3-79 линияси билан чатишувчанлик натижаларининг таҳлили келтирилган. Олиб борилган таҳлиллар натижасида шуни аниқландики, **2** хромосома етишмовчилигига эга бўлган иккита линия (Mo16 ва Mo19) нинг чатишувчанлиги сезиларли равишда фарқ қилади (33,33 дан 66,67% гача); **4** хромосома етишмовчили эга тўққизта моносомик линиялар ҳам кенг ўзгарувчанликка эгаллиги билан фарқланди (12,50 дан 83,33% гача); **6** хромосомаси бўйича бешта моносомик линия сезиларли фарқларга эга бўлди (26,32 дан 60,00% гача). **18** хромосомаси етишмайдиган Mo48 линиясининг чатишувчанлиги пастлиги билан тавсифланди (16,66% гача), шунингдек Mo21 (тело-**11**) монотелодисомик линияси энг юқори чатишувчанлик қийматига эга бўлди (100%). Идентификацияланган моносомик линиялар чатишувчанлигидаги бундай фарқлар турли хил ногомологик хромосомаларнинг етишмаслиги бўлган мазкур линияларнинг ўзига хослиги, шунингдек амалга оширилган чатиштиришлар сонидаги фарқланишлар ва ғўзанинг бошланғич моносомик ўсимликларини олишда қўлланилган нурланишларнинг турличалиги билан изоҳланади.

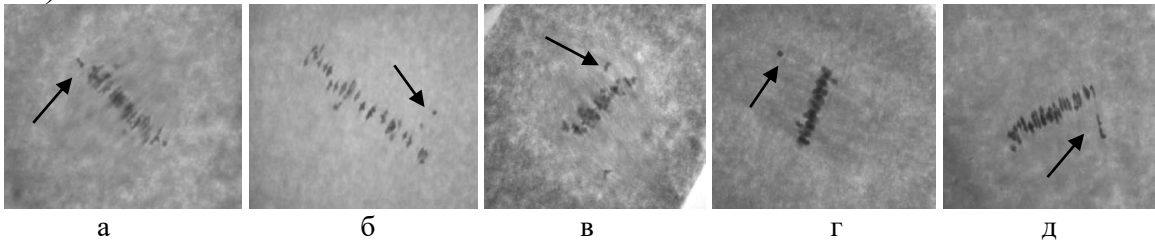
Диссертация учинчи бобининг “Ўзанинг *G.hirsutum* L. турига мансуб анеуплоид линияларни *G.barbadense* L. турининг Pima 3-79 линияси билан чатиштиришдан олинган F₀ авлодда чигит тугилиши ва унувчанликнинг, шунингдек F₁ дурагай ўсимликлари яшовчанлигининг таҳлили” деб номланган иккинчи бўлимида 2 хромосома етишмовчилиги эга Mo16 ва Mo19 иккита линияни Pima 3-79 линияси билан чатиштиришдан олинган F₀ уруғларни тугувчанлиги таҳлили келтирилган ва бунда дурагай уруғларни тугувчанликнинг назоратга нисбатан (73,83±4,25%) паст кўрсаткичи аниқланди (35,41±3,31 ва 40,75±2,54%, мос равишда). Дурагай уруғларнинг унувчанлиги кескин фарқ қилди, F₁ ўсимликларининг яшовчанлик даражаси юқори бўлди ва фарқланмади (100 ва 87,50%, мос равишда) ташкил қилди.

4-хромосома етишмовчилиги эга бўлган ўнта моносомик линияни чатиштиришдан олинган F₀ уруғларнинг тугилувчанлиги кичик диапазонда пасайиш билан тавсифланди (26,03±5,14 дан 52,82±4,19% гача). Дурагай F₀ уруғларнинг унувчанлиги кескин фарқ қилди ва бу ерда энг юқори унувчанлик (90,48%) ва энг паст унувчанлик (21,05%) кузатилди. F₁ ўсимликларининг яшовчанлик даражаси юқори бўлди, битта дурагай комбинациясида (F₁Mo89xPima 3-79) яшовчанликнинг кучли пасайиши кузатилди (42,11% гача). 6-хромосомаси етишмаслиги бўлган бешта моносомик линиялар иштирокидаги дурагайларда дурагай уруғларни тугувчанлик ўта тор доирада (18,64±5,07 дан 35,48±4,96% гача) бўлиб. Дурагай F₀ уруғларнинг унувчанлиги биров фарқ қилди (66,67 дан 100% гача). F₁ ўсимликларнинг яшовчанлик фақат битта дурагай варианты F₁(Mo92xPima 3-79) ушбу кўрсаткич биров пасайишни кўрсатган (93,33% гача). 7 хромосомаси етишмовчилиги бўлган моносомик Mo27 линия Pima 3-79 линияси чатиштирилганда дурагай уруғларни тугувчанлиги кучли пасайди (39,53±7,46%), дурагай F₀ уруғларининг унувчанлиги ва яшовчанлик даражаси эса ўртача пасайган (мос равишда 88,24% ва 93,33%). 18 хромосомаси етишмовчалиги бўлган моносомик Mo48 линия иштирокидаги варианты (Mo48xPima 3-79) дурагай F₀ уруғларни тугувчанлиги назорат дурагайга таққосланганда (73,83±4,25%) юқори даражада (82,61±7,90%), шунингдек F₁ ўсимликларнинг унувчанлиги (89,47%) ва яшовчанлиги (100%) юқори бўлди.

6 хромосома ва 11 хромосоманинг бир елкаси етишмаслиги бўлган иккита монотелодисомик линияларини (Тело12xPima 3-79 ва Mo21xPima 3-79) чатиштириш комбинацияларида дурагай уруғларнинг тугувчанлиги сезиларли даражада фарқ қилди (69,05±7,13 ва 16,00±4,23%, мос равишда). Бирок, F₀ уруғларнинг унувчанлиги юқори бўлганлиги (96,43 ва 88,88%, мос равишда), шунингдек яшовчанлик даражаси энг юқорилиги (100%) билан тавсифланди бу эса ўзанинг хромосоманинг алоҳида елкалари етишмаслигига бардошлилигини кўрсатади.

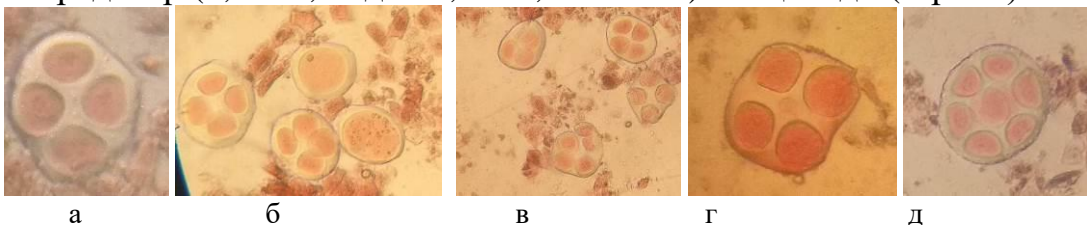
Диссертациянинг учинчи бобининг “Ўзанинг *G.hirsutum* L. турига мансуб анеуплоид линияларини *G.barbadense* L. турининг Pima 3-79 линияси билан чатишидан олинган анеуплоидлар F₁дурагайларининг

цитогенетик таҳлили” деб номланган учинчи бўлимида *G.hirsutum* турига мансуб 19 та моносомик ва иккита монотелодисомик линиясини *G.barbadense* турининг Pima 3-79 линияси билан чатиштирилишидан олинган F₁ дурагай оилалар ўрганилган. Бунда, инберд Л-458 линияси Pima 3-79 линияси билан чатиштирилишидан олинган F₁ ўсимлиги назорат сифатида хизмат қилган. Мейозни метафаза-I босқичида ўрганиш натижасида 16 та чатиштириш комбинациясидан 32 анеуплоид дурагайлар аниқланиб, барча ўрганилган оналик чанглариди ва 12 та дурагай оиласида 25 та бивалент ва битта турли ўлчамдаги унивалент ҳосил бўлган ҳолда одатий хромосома конъюгация аниқланди (1а-г-расм). Иккита F₁(Мо34хPima 3-79 ва Мо95хPima 3-79) чатиштириш комбинациясидан ўсимликларда хромосома конъюгацияси бузилганлиги аниқланди, битта дурагай оилада (F₁Мо95хPima 3-79)– **6** хромосомаси бўйича алмашган моносомик ўсимлик (106₅) аниқланди ва у хромосомаларнинг битта квадριвалентли ассоциацияси мавжудлиги билан ажралиб турди, монотелодисомик дурагайда эса гетероморфли бивалент мавжуд бўлиб, бу айрим хромосома елкасининг етишмаслигини кўрсатади (1д-расм).



1-расм. Анеуплоид линияларни Pima 3-79 линияси билан чатиштиришдан олинган дурагай ўсимликларнинг оналик чангчи хужайраларида мейознинг метафаза-I босқичида хромосомаларнинг конфигурацияси: а) F₁Мо16хPima 3-79 (25^{II}+1^I) (98₂) **2** хромосомаси бўйича алмашган; б) F₁Мо58хPima 3-79 (25^{II}+1^I) (530₂) **4** хромосомаси бўйича алмашган; в) F₁Мо95хPima 3-79 (25^{II}+1^I) (2₈) **6** хромосомаси бўйича алмашган; г) F₁Мо48хPima 3-79 (25^{II}+1^I) (529₁₆) **18** хромосомаси бўйича алмашган; д) F₁Мо21хPima 3-79 (25 нормал бивалентлар ва битта гетероморфли бивалент) (100₁) (кўрсатгич унивалент ва гетероморфли бивалент каратилган).

Микроспоралар спорада босқичини таҳлилида алоҳида хромосомаси алмашган F₁ анеуплоид дурагайи ўсимликларида, юқори мейотик индекс аниқланди (94,32±0,74 дан 99,93±0,07 гача) ва оз миқдордаги микроядрога эга тетрадалар (0,02±0,02 дан 1,18±0,31% гача) аниқланди (2-расм).

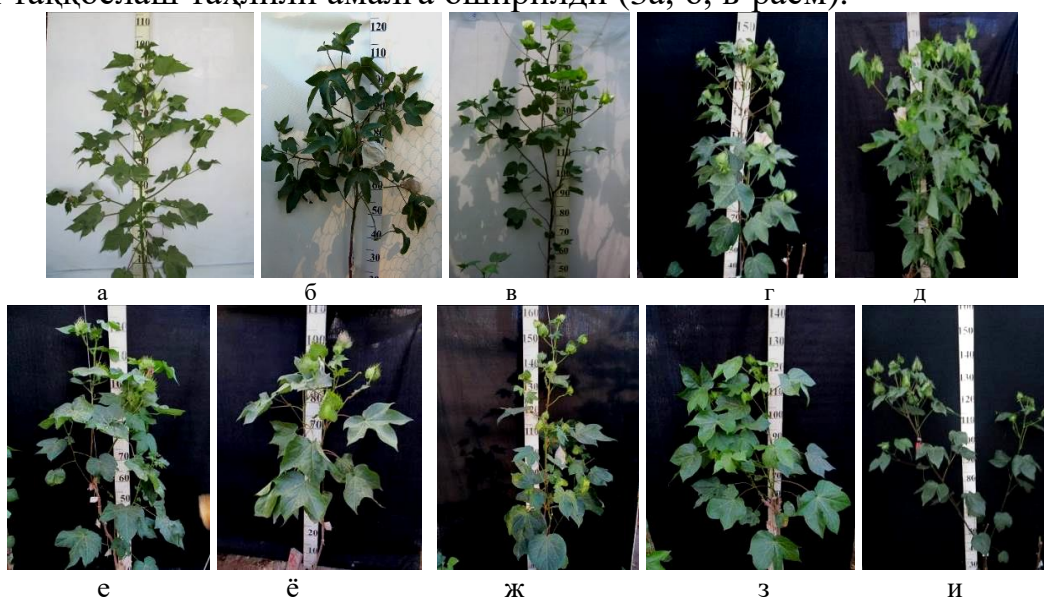


2-расм. Дурагай F₁Мо67хPima 3-79 (308₁) ўсимликларни спорадалари; а) нормал тетрада; б) иккита монадалар ва иккита тетрадалар; в) ноодатий тетрада; г) микроядро эга тетрада; д) гептада.

Турли дурагай оилаларда ва айрим оилаларнинг ичида чанг пуштлилигининг қиёсий таҳлили кучли фарқланишларни кўрсатди. Шундай қилиб, **2** хромосомаси бўйича алмашган дурагай оила ичида ва **4** хромосомаси бўйича алмашган баъзи оилаларда чангларнинг пуштлилиги кўрсаткичлари ўхшаш эди. **4** хромосомаси бўйича алмашган бошқа дурагай

оилалар ичида F_1 ($Mo7 \times Pima$ 3-79, $Mo59 \times Pima$ 3-79, $Mo60 \times Pima$ 3-79), **6** хромосомаси бўйича ($F_1 Mo34 \times Pima$ 3-79), шунингдек **6** ва **11** хромосомаси бўйича монотелодисомик дурагайларда F_1 ($Telo12 \times Pima$ 3-79 ва $Mo21 \times Pima$ 3-79) чанг пуштлилиги фарқланди. Умуман олганда, дурагай моносомиклар ўртасида фарқлар сезиларли бўлди ($F_1 Mo92 \times Pima$ 3-79 дурагайида $71,34 \pm 1,28$, $F_1 Mo67 \times Pima$ 3-79 дурагайида эса $93,12 \pm 1,35\%$). Бу ғўза геномининг специфик ногомологик бўлган хромосома алмашган дурагай ўсимликларида чангларни пуштлилигида специфик фарқлар мавжудлигини кўрсатади.

Диссертациянинг учинчи бобидаги “**Ғўзанинг *G.hirsutum* L. турининг анеуплоид линияларини *G.barbadense* L. турининг Pima 3-79 линияси билан чатишишидан олинган, F_1 анеуплоид дурагайларининг биоморфологик таҳлили**” деб номланган тўртинчи бўлимида алоҳида хромосомаси ёки уларнинг елкаси алмашган турлараро анеуплоид F_1 дурагайларини, бошланғич Л-458, Pima 3-79 ва дисомик F_1 дурагай шакллари билан таққослаш таҳлили амалга оширилди (3а, б, в-расм).



3-расм. Ғўзанинг бошланғич линияси ва дурагай ўсимликлари: а) Л-458 линияси; б) Pima 3-79 линияси; в) F_1 Л-458 \times Pima 3-79 дисомик дурагай; г) **2** хромосомаси бўйича алмашган $F_1 Mo16 \times Pima$ 3-79 (98_2) моносомик дурагай; д) **4** хромосомаси бўйича алмашган $F_1 Mo59 \times Pima$ 3-79 (531_2) моносомик дурагай; е) **6** хромосомаси бўйича алмашган $F_1 Mo92 \times Pima$ 3-79 (539_5) моносомик дурагай; ё) **7** хромосомаси бўйича алмашган $F_1 Mo27 \times Pima$ 3-79 (687_4) моносомик дурагай; ж) **18** хромосомаси бўйича алмашган $F_1 Mo48 \times Pima$ 3-79 (529_{16}) моносомик дурагай; монотелодисомик дурагайлар - з) **6** хромосомаси бўйича битта елкаси алмашган $F_1 Telo12 \times Pima$ 3-79 (542_{16}) дурагай; и) **11** хромосомаси бўйича битта елкаси алмашган $F_1 Mo21 \times Pima$ 3-79 (102_1) дурагай.

Барча алоҳида хромосома ёки елкалар алмашган F_1 анеуплоид дурагайлари қуйидаги хусусиятларга ҳам эга бўлди: **2** хромосомаси бўйича - кўсак банди узунлиги кичик (0,6-1 см) (3г-расм); **4** хромосомаси бўйича - барг банди анча узун (10 дан 17-18 см гача), баргланиш анча қалин, барглари йирик ўлчамда, гулбанди узун (4 дан 7 см гача)(3д-расм); **6** хромосомаси бўйича - пояси ихчам, симподиал шохлари калта, анча қалин ва тўқяшил баргларга эга, тишлар сони кўп (12 дан 16 гача) тишчалар орасидаги масофа кўпайганлиги билан, (3е-расм); **7** хромосомаси бўйича - баргбанди узайган (13 см), чангдонлардаги чангчилар (135) ва уруғкуртаклар сони (34) (3ё-

расм); **18** хромосомаси бўйича - баргланиш кучсиз, пояда ва баргларда тукланиш қалин, гулостикосача барглари йирик (3ж-расм); **6** хромосомаси битта елкаси бўйича - баргбанди анча узун (15 см гача), чангдонлар чангчилар тўпламидаги сони кам (79 дан 81 гача), уруғкуртаклар сони кўп (33 гача) **6** хромосомаси бўйича алмашган моносомик F_1 дурагайлар билан таққосланганда (5з-расм); **11** хромосомаси битта елкаси бўйича - барги уч бўлакли, гулостикосачабаргдаги тишлари сони кўпайган (15) ва чангдонлардаги чангчилар сони (135), шунингдек уруғкуртаклар сони (34) (3и-расм).

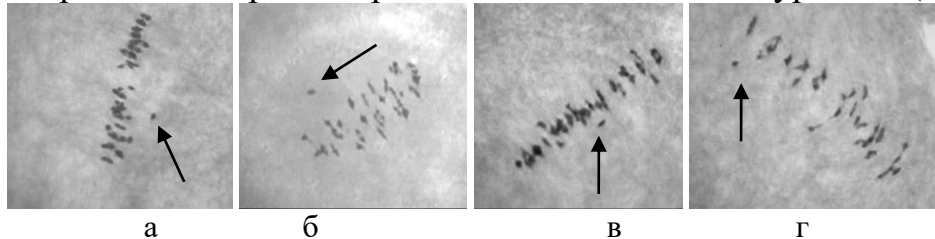
Диссертация учинчи бобининг “**Ўзанинг *G.hirsutum* L. моносомик ва монотелодисомик линияларини турлараро анеуплоид дурагайлар F_1 (МохРiма 3-79 ва ТелохРiма 3-79) билан чатишишидан олинган F_1BC_1 дурагайларида чатишувчанлик, чигит тугиш, уруғларни унувчанлиги, шунингдек F_1BC_1 дурагай ўсимликларининг яшовчанлиги таҳлили**” деб номланган бешинчи бўлимида ЎзМУнинг Цитогенетик коллекциясидаги рекурент ота-оналар сифатида хизмат қилган 12 идентификацияланган моносомик линия (**2, 4, 6, 7** ва **18** хромосомалар бўйича) ва иккита монотелодисомик линиялар (**6**-тело ва **11**-тело хромосома бўйича алоҳида елкаси алмашган) ни турлараро анеуплоид F_1 дурагайлар билан чатиштириб F_1BC_1 дурагай кўсақлар олиш мақсадида бажарилган тадқиқотлар таҳлили келтирилган. **2** хромосома етишмовчилиги эга бўлган моносомик линиясининг F_1BC_1 (Мо16х F_1 98₂) чатишувчанлиги (10,00%) бошланғич дурагай F_1 (33,33%) билан таққослаганда жуда паст бўлди, F_1BC_1 дургай уруғларини тугилувчанлиги таҳлили бироз пасайишни кўрсатди ва унувчанлиги (22,22% гача) кучли пасайиш билан характерланади ҳамда яшовчанлик даражаси юқори (100%) бўлди.

Чатиштиришда **4** хромосома етишмовчилиги эга олтита моносомик линияси иштирок этди. Моносомик линияларнинг чатишувчанлик даражаси бошланғич F_1 дурагай билан сезиларли даражада фарқ қилди (12,50 дан 64,29% гача). Шундай қилиб, энг паст чатишувчанлик (12,50 ва 15,38%) иккита (Мо59 ва Мо58) линия иштирокида олинган чатиштириш комбинациясида. F_1BC_1 дурагай уруғларининг тугувчанлиги барча чатиштириш вариантларида пасайишни кўрсатди (21,95±6,46 дан 52,78±8,32% гача). Аммо, ушбу кўрсаткичларни бошланғич F_1 дурагайи билан таққослаганда **4** хромосома бўйича алмашган F_1BC_1 дурагай уруғларини тугилиши сезиларли пасайиши аниқланди. Дурагай F_1BC_1 уруғларни унувчанлиги кучли фарқланди.

6 хромосомаси етишмаслиги бўлган моносомик линияларда ҳам F_1BC_1 да чатишувчанликнинг тор доирада (20,00 дан 23,08% гача) бўлсада, пасайганлиги намоён бўлди. F_1BC_1 (Мо92х F_1 539₅) дурагайида бошланғич F_1 дурагай билан таққосланганда (28,33±5,82%) F_1BC_1 дурагайлари ичида энг паст уруғ тугувчанлиги кузатилди (9,52±3,20%). **7-** ва **18-** хромосомаси етишмайдиган Мо27 ва Мо48 моносомик линияларининг чатишувчанлиги бошланғич дурагайлардан сезиларли равишда фарқ қилди (мос равишда 53,85 ва 6,25%). **6** ва **11** хромосомаларнинг елкаси етишмаслиги бўлган иккита (Тело12 ва Мо21) монотелодисомик линиялар нинг

чатишувчанлигида бошланғич F_1 дурагай (100%) билан таққослаганда пасайиш (33,33% дан 80,00% гача) кузатилди.

Диссертация учинчи бобининг “Ўзанинг *G.hirsutum* L. моносомик ва монотелодисомик линияларни турлараро анеуплоид дурагайлар F_1 (МохРiма 3-79 ва ТелохРiма 3-79) билан чатишишидан олинган анеуплоид F_1BC_1 дурагайларнинг цитогенетик таҳлили” деб номланган олтинчи бўлимида 14 та **4**, **6**, **7** ва **18**- хромосомаси-алмашган F_1BC_1 моносомик дурагайларининг хромосома конъюгациянинг қиёсий таҳлили келтирилган. Бунда мейознинг М-I босқичида хромосомаларнинг меъёрий конъюгацияси кузатилиб, ўза учун одатдагидек 25 бивалентлар ва битта ҳар хил ўлчамдаги унивалента ҳосил бўлиб, бу бошланғич моносомик линияларга мос тарзда рўй берди. **6**- ва **11**- хромосомаси алмашган тўртта монотелодисомик дурагайда хромосома конъюгациясини ўрганиш натижасида гетероморфли бивалентлар мавжудлиги аниқланди ва бу **6**- ва **11**- хромосомаларида елкалардан бирининг етишмаслигини кўрсатди (4-расм).



4-расм. Моносомик линияларни турлараро моносомик F_1 дурагайлар билан чатиштиришдан олинган дурагайларнинг ОЧХ да мейознинг метафаза-I босқичида хромосомаларнинг конфигурацияси: а) $F_1BC_1(Mo58xF_1530_3)$ ($25^{II}+1^I$) (115_1) **4** хромосомаси бўйича алмашган; б) $F_1BC_1(Mo92xF_1539_5)$ ($25^{II}+1^I$) (1040_2) **6** хромосомаси бўйича алмашган; в) $F_1BC_1(Mo27xF_1687_4)$ ($25^{II}+1^I$) (111_5) **7** хромосомаси бўйича алмашган; г) $F_1BC_1(Mo48xF_15291_6)$ ($25^{II}+1^I$) (114_1) **18** хромосомаси бўйича алмашган (кўрсатгич унивалентларга каратилган).

Микроспорларнинг спорадалар босқичидаги таҳлили, **4**, **6**, **7** ва **18**, шунингдек **6**-елка ва **11**-елка хромосомаси алмашган 17 та F_1BC_1 анеуплоид ўсимликларда, шунингдек юқори мейотик индекс аниқланди ($98,99 \pm 0,20\%$ гача) ва микроядроли тетрадалар сони кўп бўлмади ($2,55 \pm 0,67\%$). Алоҳида хромосомаси алмашган моносомик дурагайлар орасида чангчиларнинг пуштлилиги бўйича фарқланишлар F_1BC_1 турли оилаларида сезиларли эди ва бу $F_1BC_1(Mo60xF_1694_5)$ моносомикда $67,27 \pm 1,45\%$ дан ($Mo48xF_15291_6$) моносомикда $95,72 \pm 0,91\%$ гача ташкил қилди. Бу ҳам чанглар пуштлилигининг F_1BC_1 ўсимликларда специфик ногомологик хромосома ёки уларнинг елкалари алмашганлигига кўра ўзига хос фарқ қилишини кўрсатади.

Диссертация учинчи бобининг “Ўзанинг *G.hirsutum* L. моносомик ва монотелодисомик линияларини турлараро анеуплоид F_1 (МохРiма 3-79 ва ТелохРiма 3-79) дурагайлар билан чатишишидан олинган F_1BC_1 анеуплоид дурагайларнинг биоморфологик таҳлили” деб номланган еттинчи бўлимида дурагайларда бошланғич анеуплоид F_1 дурагайлар билан таққослаганда юзага чиқувчи фарқланувчан хусусиятлар мавжудлиги кўрсатиб берилган. Бундай хусусиятлар **4** хромосомаси алмашган F_1BC_1 моносомик дурагайда $F_1BC_1(Mo58xF_1530_3)$ ва $Mo75xF_1104_2$) да (115_1 ва 298_2 мос равишда) баргларнинг кўплиги, поянинг калта туклар билан қалин

қопланганлиги ва баргларнинг ўртача тукланишидан иборат бўлди. **6** хромосомаси алмашган F_1BC_1 моносомик дурагайда - пояни компактлиги билан ажралиб туради, жудаям зич баргланган, симподиал шохлар калта (I тип), жудаям қалин ва тўқ-яшил баргларга эга, кўсакбанди калта (0,5 дан 1,5 см гача), бундан ташқари **6** хромосоманинг битта елкаси алмашган монотелодисомик дурагайда - барглар йирик ва банди анча узун (15 см гача). **7** хромосомаси алмашган моносомик F_1BC_1 дурагайлар барглар оч яшил рангдалиги билан фарқланди, гулостикосачабарглардаги тишчалар сони кам (8 гача); **18**- хромосомаси алмашган моносомик F_1BC_1 дурагайларда барг уч бўлаклиги билан ажралиб турди, баргбанди калталашган (8,5 см) ва қалин тукланган, ўртача-кичик ўлчамли гулларга эга (6,5 см). **11** хромосомасининг битта елкаси алмашган монотелодисомик F_1BC_1 дурагайида - қалин ва икки-уч бўлаккли ўртача ўлчамдаги барглар, гулостикосачабаргдаги тишлар сонининг камлиги (9 гача) фарқланди.

Диссертация учинчи бобининг “**Ўзанинг *G.hirsutum* L. турига мансуб моносомик ва монотелодисомик линияларини алоҳида хромосомаси ёки уларнинг елкалари алмашган турлараро анеуплоид F_1BC_1 дурагайлар билан чатишишидан олинган F_1BC_2 дурагайларнинг чатишувчанлиги, чигит тугиши ва уруғларининг унувчанлиги, шунингдек F_1BC_1 дурагай ўсимликларининг яшовчанлиги таҳлили**” деб номланган саккизинчи бўлимида саккизта идентификацияланган моносомик линиялар (**4, 6, 7** ва **18** хромосомалари етишмайди) ва битта монотелодисомик линия (**11** хромосома елкаси етишмайди) рекуррент ота-она сифатида иштирок этган турлараро анеуплоид F_1BC_1 дурагайларнинг чатишувчанлигига оид маълумотлар келтирилган. Булар ўртасида белги бўйича сезиларли фарқлар аниқланди (25,00 дан 100% гача).

Диссертация учинчи бобининг “**Рекуррент ота-оналарни (*G.hirsutum* L.) турлараро анеуплоид F_1BC_1 дурагайлар билан чатиштириб олинган анеуплоид F_1BC_2 дурагайларнинг цитогенетик таҳлили**” деб номланган тўққизинчи бўлимида 12 та F_1BC_2 дурагайларда мейознинг метафаза-I ва спорада босқичларида ўтказилган цитологик, шунингдек чанглар пуштлилигини ўрганиш бўйича тадқиқотлар натижалари келтирилган. Бунда анеуплоид F_1BC_2 ўсимликлар фақат саккизта дурагай комбинациясида аниқланди, битта вариантда моносомик дурагайни аниқлаб бўлмади. **4, 6, 7** ва **18** хромосомалар бўйича алмашган моносомик F_1BC_2 шаклларда мейознинг M-I босқичида ўзанинг моносомиклари учун меъёрий бўлган 25 та бивалент ва битта унивалент ҳосил бўлиши билан кечувчи хромосома конъюгацияси қайд қилинди. **11** хромосома елкаси алмашган иккита монотелодисомик F_1BC_2 дурагайида гетероморфли бивалентлардан ташқари ҳар хил ўлчамли иккита унивалентнинг турли частотада (ўртача бир хўжайрада $0,75 \pm 0,37$ ва $1,00 \pm 0,41$) мавжудлиги аниқланиб, уларнинг иккинчиси квадριвалентга эга эканлиги билан фарқланди.

Моносомик F_1BC_2 дурагайларда ўтказилган микроспораларнинг спорада босқичи таҳлили натижасида ўрганилган кўплаб ўсимликларда юқори МИ ($92,27 \pm 0,60$ дан $98,04 \pm 0,46\%$ гача) ва бир нечта микроядроли

тетрадалар ($0,22 \pm 0,15$ дан $1,31 \pm 0,41\%$ гача) аниқланди. Бироқ, 6-хромосомаси алмашинган битта моносомик $F_1BC_2(Mo34 \times F_1BC_1293_3)$ дурагай (4974) вариантыда мейотик индекснинг пасайиш ($83,66 \pm 0,62\%$ гача) ва микроядроли тетрадалар сонининг сезилари ортиши ($9,23 \pm 0,77\%$ гача) қайд қилинди. Бу мейознинг анафаза босқичида унивалент хромосомалар тақсимланишидаги тартибсизликни ва миқдор жиҳатдан мувозанатлашмаган гаметаларнинг шаклланишини кўрсатади. F_1BC_2 дурагайларда саккизта вариантда ўтказилган чатиштиришларда чангларнинг пуштлилигини таҳлил қилинганда учта чатиштириш варианты ўсимликларида чанглар пуштлилигининг пасайганлиги аниқланди ($83,26 \pm 1,41$, $75,00 \pm 1,66$ ва $70,09 \pm 1,57\%$ гача, мос равишда).

Диссертациянинг учинчи бобининг “*G.hirsutum* L. турига мансуб ғўзанинг моносомик ва монотелодисомик тизмаларини турлараро анеуплоид F_1BC_1 дурагайлари билан чатиштириб олинган анеуплоид F_1BC_2 дурагайлариининг биоморфологик таҳлили” деб номланган ўнинчи бўлимида ҳар хил авлодга мансуб анеуплоид линиялар таққосланди, бунда беккросс F_1BC_2 дурагайлар қуйидаги айрим хусусиятлари мавжудлигини кўрсатди: **4-** хромосомаси бўйича алмашганда – 3-9 бўлакли барглар, қалин баргланиш, калта туклар билан қалин тукланишли шохлар ва ўртача тукланган барглар; **6-**хромосомаси бўйича алмашганда - поялар йиғиқ, баргланиш қалин, симподиал шохлар калта (I тип), кўсак банди қисқа ($0,5$ дан $1,5$ гача), F_1 ва F_1BC_1 га ўхшаб анча калта, барглари тўқ яшил; **7-** хромосомаси бўйича алмашганда - уч-беш бўлакли; **18** хромосомаси бўйича алмашганда - унча ривожланмаган ўсимликлар, уч бўлакли барглар, ўрта, кичик ўлчамли гуллар (5-6 см), чангдонлар сонли кам (65-70 гача), F_1 ва F_1BC_1 дурагайларииникига ўхшаш кичик бурунчали юмалоқ кўсаги бор; **11-** хромосомасининг битта елкаси бўйича алмашганда – қалин, уч ва беш бўлакли барглари йирик ўлчамда, кичик бурунчали юмалоқ кўсаклари F_1BC_1 никига ўхшайди. Бу хусусиятлар алоҳида хромосома ёки алоҳида хромосома елкалари алмашиниши туфайли кузатилди.

ХУЛОСАЛАР

“Ғўзанинг *G.hirsutum* L. турига мансуб алоҳида хромосомалари алмаштирилган шаклларнинг цитогенетик таҳлили” мавзусидаги фалсафа доктори (PhD) диссертацияси бўйича олиб борилган тадқиқотлар натижасида қуйидаги хулосалар тақдим этилди:

1. Ғўзанинг *G.hirsutum* L. турини идентификацияланган анеуплоид тизмаларини *G.barbadense* L. турининг донор Pima 3-79 тизмаси билан чатишувчанлик таҳлили асосида 18 та чатиштириш вариантыда ($12,50$ дан 100% гача) фарқланиши аниқланди ва бу уларда специфик ногомологик хромосома ва уларни елкалари етишмовчилиги билан изоҳланади. Бунда ғўза геномида алоҳида хромосома ва хромосома елкаси алмашиниш таъсири сабаб F_0 дурагай уруғларининг тугилувчанлиги ($16,00 \pm 4,23$ дан $82,61 \pm 7,90$ гача), шунингдек F_0 уруғларнинг унувчанлиги ($21,05$ дан 100% гача) ва F_1

ўсимликларнинг яшовчанлиги (42,11 дан 100% гача) ни ташкил қилганлиги кузатилди.

2. Мейознинг М-I босқичида алоҳида хромосомаси ёки уларнинг елкалари алмашган турлараро анеуплоид F_1 ўсимликларининг хромосомалари конъюгациясини ўрганилганда, анеуплоидлар учун меъёрий бўлган конъюгация кузатилди, шунингдек бунда 6-хромосомаси алмашган битта моносомик оилада ($F_1Mo95xPima$ 3-79) хромосомаларнинг битта квадривалентли ассоциацияси мавжудлиги қайд қилинди. Спорадалар таҳлилида юқори мейотик индекс қайд қилинди ($94,32 \pm 0,74$ дан $99,93 \pm 0,07$ гача) ва оз миқдордаги микроядроли тетрадалар ($0,02 \pm 0,02$ дан $1,18 \pm 0,31\%$ гача) бўлгани ҳолда чангларнинг пуштлиги таҳлили натижасида кучли фарқлар аниқланди.

3. Алоҳида хромосомаси ва хромосома елкаси *G.barbadense* туридан алмашган анеуплоид F_1 дурагайлардаги биоморфологик фарқлар кўпгина ўрганилган белгилар бўйича бошланғич ота-онага (Л-458 ва Pima 3-79) ва дисомик F_1 дурагайга нисбатан таққослаганда, ўзгарувчанлиги билан тавсифланди ва бунинг сабаби специфик хромосома (**2, 4, 6, 7** ва **18**) ва алоҳида хромосома елкаси (**6-** ва **11**) етишмовчилиги билан изоҳланади.

4. Анеуплоид линияларни F_1 турлараро анеуплоид дурагайлар билан чатишишидан олинган турлараро анеуплоид F_1BC_1 дурагайининг чатишувчанлик таҳлили, кўплаб дурагайларда чатишувчанликнинг умумий пасайишини кўрсатди ($6,25$ дан $80,00\%$ гача) ва бу ҳолатни чатиштиришларда бир вақтнинг ўзида хромосомаси етишмайдиган иккита шакл қатнашганлиги билан тушунтириш мумкин. F_1BC_1 дурагай уруғларининг тугилувчанлиги ўрганилганда бешта чатиштириш комбинациясида умумий пасайиш ($21,95 \pm 6,46$ дан $52,78 \pm 8,32\%$ гача) ва бошқа бешта комбинацияда ўсиш ($30,43 \pm 9,59$ дан $71,70 \pm 6,19$ гача) аниқланди. Уруғ унувчанлик бўйича ҳам олтига вариантда пасайиш ($22,22\%$ дан $60,00\%$ гача) кузатилди, яшовчанлик бўйича эса бешта комбинацияда пасайиш ($80,00$ дан $94,44\%$ гача) аниқланди.

5. Мейознинг МI босқичида хромосома конъюгациянинг қиёсий таҳлили **4, 6, 7** ва **18-** хромосомаси ёки 6- ва 11-хромосома елкалари алмашган 14 та F_1BC_1 моносомик дурагайида анеуплоидлар учун меъёрий бўлган конъюгацияни кўрсатди. Спорадалар таҳлили F_1BC_1 дурагайларда юқори мейотик индексни кўрсатиб ($98,99 \pm 0,20\%$ гача), уларда микроядроли тетрада сони катта бўлмади ($1,21 \pm 0,42\%$ гача), бунда чангчилар пуштлилигини ўрганиш натижасида турли хил оилалардаги дурагайлар орасидаги фарқ аниқланди ($67,27 \pm 1,45$ дан $95,72 \pm 0,91\%$ гача) ва бу анеуплоид специфик хромосомаси ёки уларнинг елкалари алмашган F_1BC_1 дурагайларда белгиларни ўзига хослигини кўрсатади.

6. Анеуплоид F_1BC_1 дурагайларининг биоморфологик таҳлили натижасида ўзига хос фарқланувчи хусусиятлар қайд қилинди: **4** хромосома бўйича алмашганда - калта туклар билан қалин тукланган поя; **6** хромосома бўйича алмашганда - жуда қалин баргланиш, симподиал шохларининг калталиги (I-тип); **7** хромосома бўйича алмашганда - барглар оч яшил рангда,

гул ости косачабаргларнинг тишчалари сони кам (8 гача); **11** хромосома елкаси бўйича алмашганда - икки ва уч бўлакли барглар шакли; **18** хромосомаси бўйича алмашганда - барг шакллари уч бўлакли, кўсакбанднинг калталашганлиги (0,5 см).

7. Тўққизта анеуплоид линияларни мавжуд анеуплоид F_1BC_1 дурагайлар билан чатишувчанлиги ўрганилганда, сезиларли фарқлар аниқланди (25,00 дан 100% гача), шунингдек F_1BC_2 дурагайларда уруғ тугилувчанликнинг ўрганилганда барча ҳолатларда умумий пасайди. F_1BC_2 дурагай уруғларнинг унувчанлигининг таҳлили бешта чатиштириш вариантида унувчанликнинг пасайганлигини (34,38 дан 85,71% гача), шунингдек тўртта чатиштириш вариантида, F_1BC_1 дурагайларга нисбатан унувчанликнинг ортиши (75,00 дан 94,44% гача), шунингдек, учта чатиштириш вариантида яшовчанликнинг пасайганлиги (81,82 дан 94,12% гача) ва олтита вариантда энг юқори яшовчанлик қайд қилинди.

8. Беккросс F_1BC_2 дурагайлар таҳлили натижасида фақат саккизта вариантда **4, 6, 7** ва **18** хромосомалар ва 11 хромосоманинг елкалари бўйича алмашган анеуплоид дурагайлар аниқланди. Спорадалар ўрганилганда, кўпчилик ўсимликларда юқори мейотик индекс ($98,04 \pm 0,46\%$ гача) ва унчалик кўп бўлмаган микроядроли тетрадалар ($1,31 \pm 0,41\%$ гача) кўплаб ўсимликларда, бундан ташқари чангларнинг пуштлилиги ($95,96 \pm 0,70\%$ гача), қолган учта чатиштириш вариантларда ушбу кўрсаткич паст бўлди.

9. **4, 6, 7** ва **18** хромосомалар бўйича ва **11** хромосоманинг елкаси алмашган беккросс анеуплоид F_1BC_2 дурагайларда F_1 бошланғич анеуплоид дурагай ва F_1BC_1 билан ўхшаш белгилар намоён бўлиб, бу ўзгаришлар тегишли хромосомани ва хромосома елкаларни алмашилиши билан боғлиқлигини кўрсатади.

ТАВСИЯЛАР

1. Хромосомаси алмашган F_1 , F_1BC_1 ва F_1BC_2 дурагайлар молекуляр-генетик таҳлилларда янги SSR-маркерларни рўйхатга олиш мақсадида тавсия этилади.

2. Хромосомаси алмашган F_1 , F_1BC_1 ва F_1BC_2 дурагайлар A_n -субгеномида (**2, 4, 6** ва **7**) хромосомалар бўйича ва (**6** ва **11**) хромосома елкаси ва D_n -субгеномида **18** хромосома бўйича янги хромосомаси алмашган линиялар яратишда фойдаланиш учун тавсия этилади.

**НАУЧНЫЙ СОВЕТ DSc.02/30.12.2019.В.53.01 ПО ПРИСУЖДЕНИЮ
УЧЕНЫХ СТЕПЕНЕЙ ПРИ ИНСТИТУТЕ ГЕНЕТИКИ И
ЭКСПЕРИМЕНТАЛЬНОЙ БИОЛОГИИ РАСТЕНИЙ
НАЦИОНАЛЬНЫЙ УНИВЕРСИТЕТ УЗБЕКИСТАНА ИМЕНИ
МИРЗО УЛУГБЕКА**

БОБОХУЖАЕВ ШУХРАТ УМАРОВИЧ

**ЦИТОГЕНЕТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ ФОРМ С ЗАМЕЩЕНИЯМИ
ОТДЕЛЬНЫХ ХРОМОСОМ У ХЛОПЧАТНИКА ВИДА *G.HIRSUTUM*
L.**

03.00.09 - Общая генетика

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

Ташкент-2021

Тема диссертации доктора философии (PhD) по биологическим наукам зарегистрирована в Высшей аттестационной комиссии при Кабинете Министров Республики Узбекистан за № В2018.2.PhD/В31.

Диссертация доктора философии (PhD) выполнена в Национальном университете Узбекистана имени Мирзо Улугбека.

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

Научный руководитель: Санамьян Марина Феликсовна
доктор биологических наук, старший научный сотрудник

Официальные оппоненты: Набиев Саидгани Мухторович
доктор биологических наук, старший научный сотрудник

Эгамбердиева Саида Абдисаматовна
доктор сельскохозяйственных наук, старший научный сотрудник


Ведущая организация: Ташкентский государственный аграрный университет


Защита диссертации состоится « 8 » июль 2021 года в 14⁰⁰ часов на заседании Научного совета DSc.02/30.12.2019.B.53.01 при Институте генетики и экспериментальной биологии растений. (Адрес: 111226, Ташкентская область, Кибрайский район, п/о Юкори-юз. Актовый зал Института генетики и экспериментальной биологии растений. Тел.: (+99871) 264-23-90, факс (+99871) 264-23-90, E-mail: igebr@academy.uz).

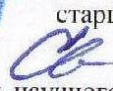
С диссертацией можно ознакомиться в Информационно-ресурсном центре Института генетики и экспериментальной биологии растений (зарегистрировано за № 267). Адрес: 111226, Ташкентская область, Кибрайский район, п/о Юкори-юз. Тел.: (+99871) 264-23-90.)

Автореферат диссертации разослан « 17 » июнь 2021 года.
(реестр протокола рассылки № 40 от « 17 » июнь 2021 года.




И.Дж. Курбанбаев
Председатель Научного совета по присуждению учёных степеней, д.б.н.


Б.Х. Аманов
Ученый секретарь научного совета по присуждению учёных степеней, д.б.н., старший научный сотрудник


Ш. Юнусханов
Председатель научного семинара при научном совете по присуждению ученых степеней, д.б.н., профессор

ВВЕДЕНИЕ (Аннотация диссертации доктора философии (PhD))

Актуальность и востребованность темы диссертации. В последние годы возделывание хлопка сырца в мире выросло на 7,2%, достигло 24,3 миллиона тонн и занимает 30 млн. гектаров. Среди стран, возделывающих хлопок, лидирующие места занимают Китай, США, Пакистан, Индия и Узбекистан. Эти пять стран заготавливают 65% мирового хлопка. Сокращение поливных площадей требует проведения научных работ по разработке ресурсосберегающих технологий выращивания хлопчатника, улучшению его свойств, устойчивости к биотическим и абиотическим факторам, повышению урожайности. В связи с этим большое практическое значение имеют хромосом-замещенные линии хлопчатника, которые будут использованы при создании сортов, отвечающих современным требованиям качества и выхода волокна с повышенной продуктивностью и улучшенными хозяйственными признаками.

В мире большое внимание уделяется проведению генетических и цитогенетических исследований для повышения урожайности хлопчатника. У хлопчатника *G.hirsutum* L. до сих пор не создана полная серия моносомных линий, поскольку не получены линии с нехватками хромосом **5, 8, 13, 14, 15, 19, 22 и 24** генома, тем не менее, ведутся научные исследования по широкому использованию моносомных линий хлопчатника для получения хромосом-замещенных линий. Создание серии линий с замещениями отдельных хромосом или их плеч, целенаправленная интрогрессия отдельных участков генома *G.barbadense* L. (в виде отдельных специфических пар хромосом или отдельных плеч хромосом) в геном *G.hirsutum*, улучшение качества хлопкового волокна и сокращение периода интрогрессии чужеродного материала в различные сорта культивируемого хлопчатника, благодаря хромосом-специфичной рекомбинации одной пары хромосом *G.barbadense* с гомеологом *G.hirsutum*, являются актуальными задачами генетики хлопчатника.

За годы независимости отечественными учеными была создана новая коллекция анеуплоидных линий хлопчатника *G.hirsutum*, на основе которой началось получение новых хромосом-замещенных линий и использование гибридов с замещениями отдельных хромосом для локализации молекулярных маркеров на хромосомах. В Стратегии действий по дальнейшему развитию Республики Узбекистан² намечены задачи по “созданию новых селекционных сортов сельскохозяйственных культур, приспособленных к местным почвенно-климатическим и экологическим условиям”. Исходя из этих задач скрещивание анеуплоидных линий с донорной линией, получение моносомных гибридов с замещением отдельных хромосом с использованием цитогенетических методов, изучение спорад и фертильности пыльцы, изучение биоморфологического разнообразия среди

² Указ Президента Республики Узбекистан «О Стратегии действий по дальнейшему развитию Республики Узбекистан» за № УП-4947 от 7 февраля 2017 г.

моносомных гибридов и создание новых хромосом-замещенных линий хлопчатника имеют важное научно-практическое значение.

Данное диссертационное исследование в определенной степени служит выполнению задач, предусмотренных в Указах Президента Республики Узбекистан «О стратегии действий по дальнейшему развитию Республики Узбекистан» за № УП-4947 от 7 февраля 2017 года, «О мерах по рациональному использованию земель и водных ресурсов в сельском хозяйстве», УП-5742 от 17 июня 2019 года, Постановлении Президента Республики Узбекистан «О мерах по дальнейшему реформированию и развитию сельского хозяйства в 2016-2020 годах» №ПП-2460 от 29 декабря 2015 года, а также в других нормативно-правовых документах, принятых в данной сфере.

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

Степень изученности проблемы. Первый моносомик хлопчатника *G.hirsutum* был найден J.O. Beasley в 1942 г. В дальнейшем были получены анеуплоидные линии различного происхождения (M.S. Brown, J.E. Endrizzi, 1964), которые идентифицировались с помощью транлокационных линий в США (J.E. Endrizzi et al., 1985). В новой коллекции анеуплоидных линий хлопчатника *G.hirsutum*, созданной М.Ф. Санамьян с учениками в НУУз (М.Ф. Санамьян и др., 2000; M.F. Sanamyun et al., 2014), на сегодняшний день идентифицированы моносомные линии по хромосомам 2, 4, 6, 7 A_n-субгенома и 18 D_n-субгенома, а также монотелодисомные линии по хромосомам 6 и 11 с помощью цитогенетического и молекулярно-генетического методов (М.Ф. Санамьян и др., 2016; 2019).

Создание хромосом-замещенных линий хлопчатника впервые было осуществлено в США (S. Saha et al., 2004; D.M. Stelly et al., 2005), где позже изучались их хозяйственно-ценные признаки (S. Saha. et al., 2004; J.N. Jenkins 2017), проводились молекулярно-генетические исследования (O.A. Gutierrez et al., 2009; S. Saha. et al., 2015; M. Ulloa et al., 2016), а также изучалась их устойчивость к абиотическим и биотическим факторам (M. Ulloa et al., 2016; A. Awasthi et al., 2018). Однако, из-за отсутствия полного набора анеуплоидных линий хлопчатника *G.hirsutum*, получение полной серии хромосом-замещенных линий пока не представляется возможным. Отсутствие молекулярно-генетического подтверждения для некоторых хромосом-замещенных линий (CS-B05sh, CS-B06, CS-B07, CS-B15sh), а также то, что один из запасов ДНК, который ранее считался произошедшим от растения, гемизиготного по Chr-17 вида *G. barbadense*, оказался гемизиготным для Chr-11, требуют новых исследований по созданию CS-линий. Для восполнения пробелов в этом направлении, получение новых анеуплоидных линии хлопчатника и новых хромосом-замещенных линий является актуальным и необходимым.

Связь темы диссертации с планами научно-исследовательских работ научно-исследовательского учреждения, где выполнена работа. Диссертационное исследование выполнено в рамках тематики прикладных и фундаментальных проектов научно-исследовательских работ в НУУз: ОТ-А-КХ-2018-379 “Улучшение качества волокна хлопчатника *G.hirsutum* L. с помощью целенаправленного межвидового замещения отдельных хромосом специфичными гомологами вида *G.barbadense* L.” (2017-2020), Ф-5-31 “Хромосомная локализация маркерных генов с помощью набора моносомных линий хлопчатника *Gossypium hirsutum* L. с унифицированной нумерацией моносом” (2012-2016).

Целью исследования является получение новых межвидовых анеуплоидных гибридных форм хлопчатника путем целенаправленного замещения специфических хромосом или их плеч от вида *G.barbadense* L. к виду *G.hirsutum* L. с помощью ранее полученных анеуплоидных линий вида *G.hirsutum* L. с нехватками отдельных хромосом или их плеч Цитогенетической коллекции НУУз, а также изучение их цитогенетических и биоморфологических особенностей.

Задачи исследования:

изучение скрещиваемости идентифицированных анеуплоидных линий хлопчатника вида *G.hirsutum* Цитогенетической коллекции НУУз с линией Pima 3-79 вида *G.barbadense*, а также анализ завязываемости, всхожести гибридных семян F_0 и выживаемости гибридных растений F_1 ;

анализ цитологических особенностей межвидовых анеуплоидных гибридных растений F_1 ;

биоморфологический анализ межвидовых анеуплоидных гибридов F_1 с замещениями отдельных хромосом или их плеч;

изучение скрещиваемости анеуплоидных линий хлопчатника вида *G.hirsutum* с анеуплоидными гибридными растениями F_1 , а также анализ завязываемости, всхожести межвидовых гибридных семян F_1BC_1 и выживаемости гибридных растений F_1BC_1 ;

цитогенетический анализ межвидовых анеуплоидных гибридов F_1BC_1 ; биоморфологический анализ межвидовых анеуплоидных гибридов F_1BC_1 с замещениями отдельных хромосом или их плеч;

исследование скрещиваемости, а также завязываемости, всхожести межвидовых гибридных семян F_1BC_2 и анализ выживаемости гибридных растений F_1BC_2 , полученных от скрещиваний анеуплоидных линий хлопчатника *G.hirsutum* с межвидовыми анеуплоидными гибридами F_1BC_1 ;

цитогенетический анализ межвидовых анеуплоидных гибридов F_1BC_2 ;

биоморфологический анализ межвидовых анеуплоидных гибридов F_1BC_2 с замещениями отдельных хромосом или их плеч.

Объектом исследования являются межвидовые гибридные растения F_1 , полученные от скрещиваний ранее идентифицированных анеуплоидных линий хлопчатника вида *G.hirsutum* с линией Pima 3-79 вида *G.barbadense*, а также беккроссные гибридные растения хлопчатника с замещениями отдельных хромосом или их плеч, полученные от скрещиваний

рекуррентных родителей (анеуплоидные линии *G.hirsutum*) с разными межвидовыми анеуплоидными гибридами F_1 и F_1BC_1 .

Предметом исследования является изучение особенностей конъюгации хромосом, мейотического индекса и фертильности пыльцы у гибридных растений хлопчатника с замещениями отдельных хромосом или их плеч, полученных от скрещиваний различных моносомных и монотелодисомных линий цитогенетической коллекции НУУз с линией Pima 3-79 вида *G.barbadense* L., а также их беккроссных гибридов разных поколений.

Методы исследования. В диссертации использованы методы гибридологического и цитогенетического анализов хлопчатника в виде анализа конъюгации хромосом, спорад и фертильности пыльцы, а также современные методы в виде программы “Sporada”, “Pollen” и “Flowers”, ранее разработанные схемы биоморфологического анализа форм с замещениями отдельных хромосом.

Научная новизна исследования заключается в следующем:

впервые определены показатели скрещиваемости, завязываемости и всхожести гибридных семян, а также выживаемости гибридных растений F_1 , беккроссных гибридных растений F_1BC_1 и F_1BC_2 с замещениями отдельных хромосом (2, 4, 6, 7 и 18) и их плеч (тело 6 и тело 11);

проведен анализ конъюгации хромосом на стадии метафаза-I и спорад мейоза, а также фертильности пыльцы у новых межвидовых анеуплоидных гибридов F_1 с замещениями отдельных хромосом или их плеч, полученных от скрещиваний ранее идентифицированных анеуплоидных линий вида *G.hirsutum* с линией Pima 3-79 вида *G.barbadense* L. и межвидовых анеуплоидных беккроссных растений F_1BC_1 и F_1BC_2 с замещениями отдельных хромосом и плеч хромосом;

путем биоморфологического анализа определены морфологические признаки у новых межвидовых анеуплоидных гибридов F_1 по шести хромосомам, а также у межвидовых анеуплоидных беккроссных гибридных растений F_1BC_1 и F_1BC_2 хлопчатника с замещениями отдельных хромосом и их плеч хромосом;

на основе генотипа инбредной линии Л-458 вида *G.hirsutum* выявлены новые межвидовые анеуплоидные гибриды F_1 и беккроссные формы F_1BC_1 и F_1BC_2 с замещениями отдельных хромосом и плеч хромосом.

Практические результаты исследования заключаются в следующем:

получение форм хлопчатника с замещениями отдельных негомологичных хромосом 2, 4, 6, 7 и 18 и с замещениями плеч хромосом тело 6 и тело 11, а также выявление цитогенетических и биоморфологических свойств этих форм;

эти новые гибридные формы с замещениями хромосом были использованы для интрогрессии важнейших признаков хлопчатника, детерминирующих качество волокна, создания новых хромосом-замещенных линий, а также молекулярно-генетических анализов.

Достоверность результатов исследования обосновывается использованием в работе современных методов, научным и практическим обоснованием сделанных выводов, обсуждением результатов научного исследования в республиканских и международных научно-практических конференциях и публикацией в ведущих местных научных изданиях и зарубежных журналах с высоким импакт-фактором, а также включением и хранением образцов хромосом-замещенных форм в коллекцию Уникального объекта НУУз.

Научная и практическая значимость результатов исследования. Результаты показали возможность создания новых межвидовых хромосом-замещенных гибридных форм с замещением отдельных хромосом или их плеч от вида *G. barbadense* на основе нового генотипа инбредной линии Л-458 вида *G. hirsutum*, имеющих важное значение для создания в дальнейшем хромосом-замещенных линий, обладающих хозяйственно-ценными признаками с улучшенным качеством волокна хлопчатника, а также для оценки их генетического и фенотипического разнообразия с помощью биоморфологического анализа.

Практическая значимость результатов исследования определяется получением новых межвидовых анеуплоидных гибридов F_1 и беккроссных гибридов F_1BC_1 и F_1BC_2 хлопчатника с замещениями отдельных хромосом (2, 4, 6, 7 и 18) или плеч хромосом (тело 6 и тело 11), а также выявлением биоморфологических различий у гибридных форм, обусловленных влиянием чужеродных хромосом или их плеч. Создание хромосом-замещенных линий будет служить исходным материалом для получения рекомбинантно-инбредных линий (РИЛ), которые могут быть использованы в качестве ценного источника генов высокого качества волокна; а также для локализации новых SSR маркеров на специфических хромосомах или их плечах с помощью молекулярно-генетического анализа.

Внедрение результатов исследования. На основе полученных результатов цитогенетического анализа форм с замещениями отдельных хромосом у хлопчатника вида *G. hirsutum* L. были получены:

гибриды с замещениями отдельных хромосом, которые использовались для локализации SSR маркеров в проекте №ҚХ-ЁА-ФА-2018-78 “Выявление дефектных хромосом у уникальных моносомных гибридов хлопчатника (*G. hirsutum* L.) с использованием технологии ДНК-маркеров” (Справка Академии наук Республики Узбекистан №4/1255-1845 от 9 сентября 2020 г.). Эти данные способствовали идентификации некоторых специфических хромосом у гибридов F_1 с замещением отдельных хромосом;

беккроссные гибриды F_1BC_2 с замещением отдельных хромосом включены в проект «Уникальный объект Узбекистана» под названием “Генетическая коллекция инбредных, мутантных, интрогрессивных и цитогенетических линий-синтетических геноисточников признаков хлопчатника” (Справка Министерства высшего и среднего образования Республики Узбекистан №89-03-4913 от 24 ноября 2020 г.), что

способствовало обогащению генетической коллекции гермоплазмы хлопчатника;

гибрид Mo62xPima 3-79 с замещением хромосомы и моносомные линии были использованы в институте Ботаники Российской Академии Наук в цитозембриологических исследованиях (Справка Ботанического института им. В.Л. Комарова Российской Академии Наук №12503/VIII-461-597 от 15 сентября 2020 г.). В результате эти образцы позволили определить характер развития системы репродукции отцовских и материнских форм, формирование и интенсивность развития цитозембриологических исследований.

Апробация результатов исследования. Результаты исследований были обсуждены на 17 научно-практических конференциях, из которых 8 международные и 9 республиканские.

Опубликованность результатов исследования. По теме диссертации опубликовано 29 научных работ, из них один сборник, 12 научных статей, в том числе 7 в республиканских и 2 в международных журналах, а также 3 свидетельства, рекомендованные Высшей аттестационной комиссией Республики Узбекистан для публикации основных научных результатов докторских диссертаций.

Структура и объем диссертации. Диссертация состоит из введения, трех глав, заключения, списка использованной литературы и приложений. Объем диссертации составляет **120** страниц.

ОСНОВНОЕ СОДЕРЖАНИЕ ДИССЕРТАЦИИ

Во введении обосновывается актуальность и востребованность проведенного исследования, обозначены цель и задачи исследования, объект и предмет, показано соответствие исследования приоритетным направлениям развития науки, научная новизна и практические результаты исследования, раскрываются научная и практическая значимость полученных результатов, приведены сведения по внедрению в практику результатов исследования, опубликованным работам и структуре диссертации.

В первой главе диссертации **“Цитологические особенности растений с нехватками отдельных хромосом или их плеч и создание хромосом-замещенных линий у аллотетраплоидного хлопчатника”** приведен обзор научных исследований по данной теме, проведенных в нашей республике и за рубежом, в частности по получению моносомных линий у разных культивируемых растений. Представлен обзор работ по созданию новых хромосом-замещенных линий (CS) с помощью анеуплоидных линий. Особо отмечено влияние замещенных хромосом на качество волокна, урожайность, устойчивость к различным заболеваниям и вредителям, другие агрономически ценные признаки.

Во второй главе диссертации **“Условия, объект и методы проведения исследований”** изложены сведения об объекте и условиях проведения опыта, особенностях проведения гибридологических, цитогенетических и

биоморфологических исследований в тепличных и лабораторных условиях, а также приведены статистические методы, использованные в работе.

В этой главе дана краткая характеристика исходных линий - Л-458 и Pima 3-79, а также анеуплоидных линий Цитогенетической коллекции НУУз, метода создания хромосом-замещенных форм, методов статистической обработки результатов конъюгации хромосом, спорад и фертильности пыльцы (Доспехов, 1985), а также программ «Sporada», «Pollen» и «Flowers».

В первом разделе третьей главы диссертации **“Скрещиваемость анеуплоидных линий хлопчатника вида *G. hirsutum* L. с линией Pima 3-79 вида *G. barbadense* L.”** приведен анализ результатов скрещиваемости 18 идентифицированных моносомных линий (по хромосомам **2**, **4**, **6** и **18**) и одной монотелодисомной линии (**тело11**) Цитогенетической коллекции НУУз с линией донором Pima 3-79 вида *G. barbadense*. В результате показано, что скрещиваемость двух линий (Мо16 и Мо19), имеющих нехватки хромосомы **2** различалась существенно (33,33 и 66,67%); девять моносомных линий с нехваткой хромосомы **4** также отличалась широким варьированием (от 12,50 до 83,33%); пять моносомных линий с нехваткой хромосомы **6** имели существенные отличия по данному признаку (от 26,32 до 60,00%). Скрещиваемость Мо48 с нехваткой хромосомы **18** была низкой (16,66%), тогда как скрещиваемость монотелодисомной линии Мо21 (**тело11**) имела самое высокое значение (100%). Такие различия скрещиваемости объясняются специфичностью линий, имеющих нехватки различных негомологичных хромосом, отличиями в количестве проведенных скрещиваний, а также различиях в типах облучения при получении исходных моносомных растений хлопчатника.

Во втором разделе третьей главы диссертации **“Анализ завязываемости и всхожести гибридных семян F₀, а также выживаемости гибридных растений F₁, полученных от скрещиваний анеуплоидных линий хлопчатника *G. hirsutum* L. с линией Pima 3-79 вида *G. barbadense* L.”** приведен анализ завязываемости гибридных семян F₀, полученных от скрещиваний двух моносомных линий (Мо16 и Мо19) с нехваткой хромосомы **2** с линией Pima 3-79, который обнаружил снижение завязываемости гибридных семян (35,41±3,31 и 40,75±2,54%, соответственно) в сравнении с контролем (73,83±4,25%). Всхожесть гибридных семян в двух вариантах сильно различалась (100% и 57,14%, соответственно), тогда как выживаемость растений F₁ была высокой и отличалась не сильно (100 и 87,50%, соответственно). Завязываемость гибридных семян F₀, полученных от скрещиваний десяти моносомных линий с нехваткой хромосомы **4**, характеризовалась снижением в небольшом диапазоне (от 26,03±5,14 до 52,82±4,19%), тогда как всхожесть гибридных семян F₀, сильно различалась, где самая высокая всхожесть равнялась 90,48%, а самая низкая 21,05%. Выживаемость растений F₁ была высокой, где только в одной комбинации (F₁Мо89хPima3-79) наблюдалось сильное снижение выживаемости (до 42,11%).

У гибридов с участием пяти моносомных линий с нехваткой хромосомы **6** была обнаружена сниженная завязываемость гибридных семян в более узком диапазоне (от $18,64 \pm 5,07$ до $35,48 \pm 4,96\%$). Всхожесть гибридных семян F_0 различалась (от 66,67 до 100%), а по выживаемости наблюдалось небольшое снижение (до 93,33%). Завязываемость гибридных семян при скрещивании моносомной линии Мо27 с нехваткой хромосомы **7** с линией Pima 3-79 была сильно сниженной ($39,53 \pm 7,46\%$), а всхожесть и выживаемость гибридных семян F_0 характеризовались небольшим снижением (до 88,24% и 93,33%, соответственно). Гибридный вариант (Мо48xPima 3-79) с участием моносомной линии Мо48 с нехваткой хромосомы **18** выделялся более высокой завязываемостью гибридных семян F_0 ($82,61 \pm 7,90\%$), по сравнению с исходным гибридом ($73,83 \pm 4,25\%$), также как всхожестью (89,47%) и выживаемостью растений F_1 (100%).

Завязываемость гибридных семян в комбинациях скрещиваний с участием двух монотелодисомных линий (Тело12xPima3-79 и Мо21xPima 3-79) с нехваткой одного плеча хромосомы **6** и хромосомы **11** различалась существенно ($69,05 \pm 7,13$ и $16,00 \pm 4,23\%$, соответственно). Однако, всхожесть гибридных семян F_0 , была высокой (96,43 и 88,88%, соответственно), также как и выживаемость (100%), что указало на толерантность хлопчатника к нехваткам отдельных плеч хромосом.

В третьем разделе третьей главы “Цитогенетический анализ анеуплоидных гибридов F_1 , полученных от скрещиваний анеуплоидных линий вида *G.hirsutum* L. с линией Pima 3-79 вида *G.barbadense* L.” изучались гибридные семьи F_1 , полученные от скрещиваний 19 моносомных и двух монотелодисомных линий *G.hirsutum* с линией Pima 3-79 *G.barbadense*. Контролем служили растения F_1 , полученные от скрещиваний инбредной линии Л-458 с линией Pima 3-79. В результате изучения мейоза на стадии метафаза-I было обнаружено 32 гибридных анеуплоида в 16 комбинациях скрещиваний, которые характеризовались нормальной конъюгацией хромосом с формированием 25 бивалентов и одного унивалента разного размера (Рис. 1 а-г) во всех изученных материнских клетках пыльцы (МКП) в 12 гибридных семьях. В двух комбинациях скрещиваний F_1 (Мо34xPima 3-79 и Мо95xPima 3-79) были обнаружены растения с нарушенной конъюгацией хромосом, а в одной семье (F_1 Мо95xPima 3-79) - моносомное растение (106_5) с замещением по хромосоме **6** с присутствием одной квадριвалентной ассоциации хромосом. Тогда как гибридные монотелодисомики выделялись присутствием гетероморфных бивалентов, указавших на нехватку отдельных плеч хромосом (Рис. 1д).

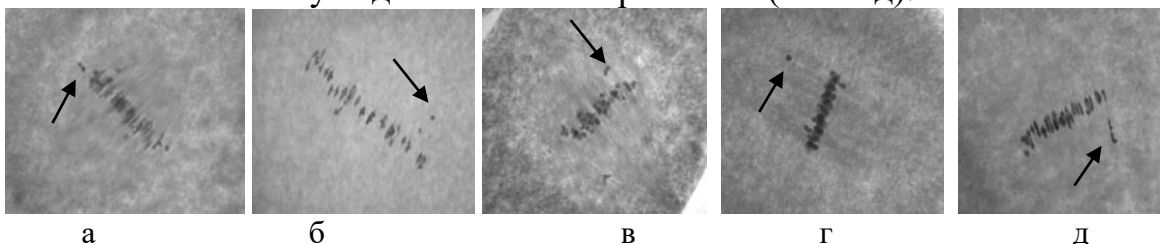


Рис. 1. Конфигурации хромосом на стадии метафаза I мейоза в МКП у гибридов хлопчатника, полученных от скрещиваний анеуплоидных линий с линией Pima 3-79: а) F₁Mo16xPima 3-79 (25^{II}+1^I) (98₂) с замещением по хромосоме 2; б) F₁Mo58xPima 3-79 (25^{II}+1^I) (530₂) с замещением по хромосоме 4; в) F₁Mo95xPima 3-79 (25^{II}+1^I) (2₈) с замещением по хромосоме 6; г) F₁Mo48xPima 3-79 (25^{II}+1^I) (529₁₆) с замещением по хромосоме 18; д) F₁Mo21xPima 3-79 (25 нормальных бивалентов и один гетероморфный бивалент) (100₁) (стрелки указывают на униваленты и один гетероморфный бивалент).

Анализ стадии спорад микроспор, проведенный у анеуплоидных растений F₁ с замещениями отдельных хромосом, обнаружил высокий мейотический индекс (МИ) (от 94,32±0,74 до 99,93±0,07) и небольшое число тетрад с микроядрами (от 0,02±0,02 до 1,18±0,31%) (Рис. 2).

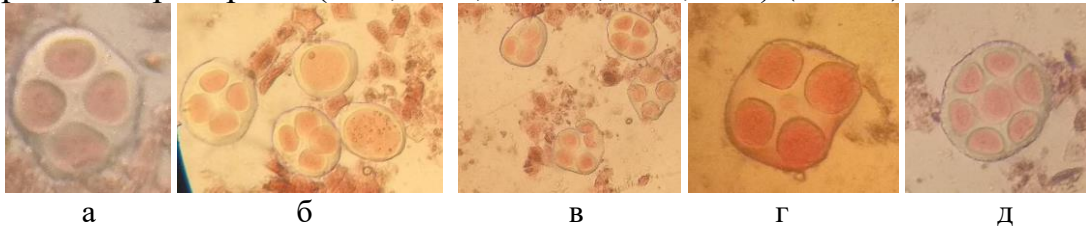


Рис. 2. Споряды гибридного растения F₁Mo67xPima 3-79 (308₁); а) нормальная тетрада; б) две монады и две тетрады; в) anomальная тетрада и нормальные тетрады; г) тетрада с микроядром; д) гептада.

Сравнительный анализ фертильности пыльцы выявил сильные различия, как между различными гибридными семьями, так и внутри некоторых семей. Так, гибриды внутри семьи с замещением по хромосоме 2 и некоторых семей по хромосоме 4 имели сходные показатели фертильности пыльцы, тогда как гибриды F₁ внутри других трёх семей с замещением по хромосоме 4, по хромосоме 6 (F₁Mo34xPima 3-79), а также монотелодисомные гибриды по хромосомам 6 и 11 F₁(Telo12xPima 3-79 Mo21xPima 3-79) имели различия.

В целом, различия между гибридными моносомиками были существенными (от 71,34±1,28 у гибрида F₁Mo92xPima 3-79 до 93,12±1,35% у гибрида F₁Mo67xPima 3-79), что указало на существование специфических различий в фертильности пыльцы у гибридов с замещениями специфических хромосом генома хлопчатника.

В четвертом разделе третьей главы диссертации **“Биоморфологический анализ анеуплоидных гибридов F₁, полученных от скрещиваний анеуплоидных линий вида *G.hirsutum* L. с линией Pima 3-79 вида *G.barbadense* L.”** приведен анализ межвидовых анеуплоидных гибридов F₁ с замещениями отдельных хромосом или их плеч, который проводился в сравнении с исходными формами Л-458, Pima 3-79 и диссомным гибридом F₁ (Рис. 3а,б,в). Все анеуплоидные гибриды с замещением отдельных хромосом или их плеч имели характерные черты: по хромосоме 2 - меньшая длина плодоножки (0,6-1 см) (Рис. 3г); по хромосоме 4 - более длинные черешки листьев (от 10 до 18см), более густая облиственность, листья более крупного размера, более длинные цветоножки (от 4 до 7 см) (Рис. 3д); по хромосоме 6 - компактность куста, короткие симподиальные ветви, более толстые, темно-зеленые листья, большее число зубцов (от 12 до 16) с увеличенным расстоянием между зубцами (Рис. 3е); по хромосоме 7 -

увеличение длины черешков (13 см), количества тычинок на тычиночной колонке (135) и числа семян (34) (Рис. 5ж); по хромосоме **18** - слабая облиственность, густая опушенность стебля и листьев, объемные прицветники (Рис. 3з); у монотелодисомных гибридов F_1 с замещением одного плеча хромосомы **6** - более длинные черешки (до 15 см), меньшее количество тычинок на тычиночной колонке (от 79 до 81), большее количество семян (до 33) по сравнению с моносомными гибридами F_1 с замещением по хромосоме **6** (Рис. 3ё); у монотелодисомных гибридов F_1 с замещением одного плеча хромосомы **11** - листья трёх-дольчатой формы, прицветники с увеличенным числом зубцов (15) и числа тычинок на тычиночной колонке (135), а также числа семян (34) (Рис. 3и).

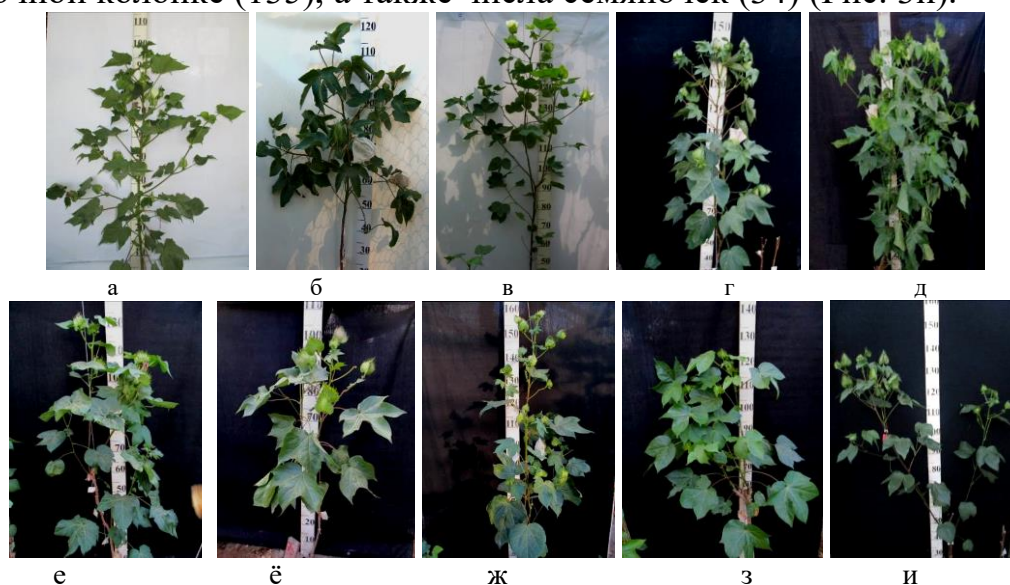


Рис. 3. Растения исходных линий и гибридных растений хлопчатника: а) линия Л-458; б) линия Pima 3-79; в) дисомный гибрид F_1 (Л-458хPima 3-79); моносомные гибриды: г) F_1 Мо16хPima 3-79 (98₂) с замещением по хромосоме **2**; д) F_1 Мо59хPima 3-79 (531₂) с замещением по хромосоме **4**; е) F_1 Мо92хPima 3-79 (539₅) с замещением по хромосоме **6**; ё) F_1 Мо27хPima 3-79 (687₄) с замещением по хромосоме **7**; ж) F_1 Мо48хPima 3-79 (529₁₆) с замещением по хромосоме **18**; монотелодисомные гибриды: з) F_1 Тело12хPima 3-79 (542₁₆) с замещением одного плеча хромосомы **6**; и) F_1 Мо21хPima3-79 (102₁) с замещением одного плеча хромосомы **11**.

В пятом разделе третьей главы диссертации “**Анализ скрещиваемости, завязываемости и всхожести гибридных семян F_1BC_1 , а также выживаемости гибридных растений F_1BC_1 , полученных от скрещиваний моносомных и монотелодисомных линий хлопчатника *G.hirsutum* L. с межвидовыми анеуплоидными гибридами F_1 (МохPima 3-79 и ТелохPima 3-79)**” представлены данные о скрещиваемости 12 идентифицированных моносомных линий хлопчатника (по хромосомам **2, 4, 6, 7 и 18**) и двух монотелодисомных линий (тело-**6** и тело-**11**), выступающих в качестве рекуррентных родителей, с межвидовыми анеуплоидными гибридами F_1 с целью получения гибридных коробочек F_1BC_1 . Скрещиваемость моносомной линии с нехваткой хромосомы **2** в комбинации F_1BC_1 (Мо16хF₁98₂) была очень низкой (10,00%), завязываемость гибридных семян F_1BC_1 характеризовалась снижением (до 34,62±9,33%) и всхожесть характеризовалась сильным снижением (до 22,22%), однако выживаемость была высокой (100%).

В скрещиваниях с участием моносомных линий с нехваткой хромосомы **4** участвовало шесть линий. Скрещиваемость этих линий с моносомными гибридами F_1 различалась существенно (от 12,50 до 64,29%). Так, самая низкая скрещиваемость (12,50 и 15,38%) была в двух комбинациях скрещиваний с участием двух линий (Мо59 и Мо58). Завязываемость гибридных семян F_1BC_1 показала снижение во всех вариантах скрещиваний (от $21,95 \pm 6,46$ до $52,78 \pm 8,32\%$). Однако, сравнение этих показателей с моносомными гибридами F_1 обнаружило существенное снижение завязываемости гибридных семян F_1BC_1 с замещением по хромосоме **4**. Моносомные линии с нехваткой хромосомы **6** также характеризовались снижением скрещиваемости в F_1BC_1 , но в более узком диапазоне (от 20,00 до 23,08%).

Скрещиваемость моносомных линий Мо27 и Мо48 с нехватками хромосомы **7** и **18**, соответственно, с моносомными гибридами различалась существенно (53,85 и 6,25%, соответственно). Выживаемость растений F_1BC_1 , полученных от скрещивания Мо27 была выше (94,44%), по сравнению с гибридом F_1 (93,33%) тогда как гибриды F_1BC_1 от скрещивания Мо48, характеризовались небольшим снижением (94,44%), по сравнению с F_1 (100%). Процент скрещиваемости двух монотелодисомных линий (Тело12 и Мо21) с нехватками плеч хромосом **6** и **11** характеризовался уменьшением (до 33,00% и 80,00%, соответственно).

В шестом разделе третьей главы диссертации “**Цитогенетический анализ анеуплоидных гибридов F_1BC_1 , полученных от скрещиваний моносомных и монотелодисомных линий хлопчатника вида *G.hirsutum* L. с межвидовыми анеуплоидными гибридами (F_1 МохРима3-79 и ТелохРима3-79)**” показан сравнительный анализ конъюгации хромосом у 14 моносомиков F_1BC_1 с замещением хромосомы **4, 6, 7** и **18**, который выявил нормальную для моносомиков хлопчатника конъюгацию хромосом на стадии МI мейоза с присутствием 25 бивалентов и одного унивалента разного размера, соответствующего размеру моносом у исходных моносомных линий. Изучение конъюгации хромосом у четырех монотелодисомных гибридов с замещением плеча хромосомы **6** и **11** обнаружило присутствие гетероморфных бивалентов, которые указали на нехватку одного из плеч хромосомы **6** и **11** (Рис. 4).

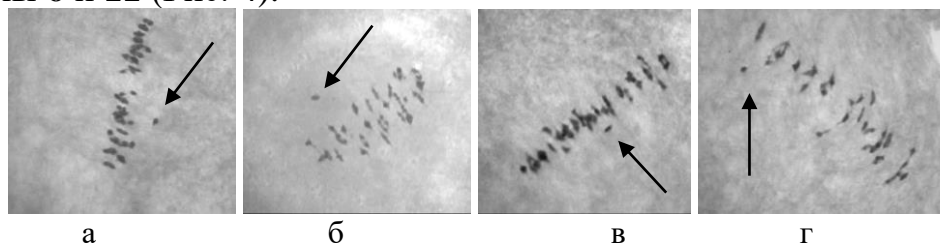


Рис. 4. Конфигурации хромосом на стадии метафаза-I мейоза в МКП у гибридов F_1BC_1 , полученных от скрещиваний моносомных линий с моносомными гибридами F_1 : а) F_1BC_1 (Мо58xF1530₃) (115₁) с замещением хромосомы **4**; б) F_1BC_1 (Мо92xF1539₅) (1040₂) с замещением хромосомы **6**; в) F_1BC_1 (Мо27xF1687₄) (111₅) с замещением хромосомы **7**; г) F_1BC_1 (Мо48xF1529₁₆) (114₁) с замещением хромосомы **18** ($25^{II}+1^I$) (стрелками указаны униваленты).

Анализ стадии спорад микроспор, проведенный у 17 анеуплоидных растений F_1BC_1 с замещениями хромосом **4, 6, 7** и **18**, а также тело **6** и тело **11** обнаружил высокий МИ (до $98,99 \pm 0,20$) и небольшое число тетрад с микроядрами (до $2,55 \pm 0,67\%$) (Табл. 2). Различия в фертильности пыльцы между гибридными моносомиками с замещениями отдельных хромосом в различных семьях F_1BC_1 были существенными (от $67,27 \pm 1,45\%$ у моносомика $F_1BC_1(Mo60 \times F_1694_5)$ до $95,72 \pm 0,91\%$ у моносомика $F_1BC_1(Mo48 \times F_1529_{16})$), что указало на существование специфических различий в фертильности пыльцы у гибридных растений с замещением специфических хромосом или их плеч.

В седьмом разделе третьей главы диссертации “**Биоморфологический анализ анеуплоидных гибридов F_1BC_1 , полученных от скрещиваний моносомных и монотелодисомных линий хлопчатника *G.hirsutum* L. с межвидовыми анеуплоидными гибридами ($F_1MoxPima3-79$ и ТелохPima3-79)**” показано присутствие у гибридов отличительных особенностей при сравнении с исходными анеуплоидами F_1 . Такими особенностями были у моносомных гибридов F_1BC_1 с замещением хромосомы **4** - густая облиственность, густо-опушенный стебель с короткими волосками и средне-опушенные листья у моносомных гибридов $F_1BC_1(Mo58 \times F_1530_3$ и $Mo75 \times F_1104_2)$; у моносомиков F_1BC_1 с замещением хромосомы **6** - компактность куста, короткие симподиальные ветви (I-тип), толстые, темно-зеленые листья, короткие плодоножки (0,5-1,5 см), тогда как у монотелодисомных гибридов с замещением плеча хромосомы **6** наблюдались листья крупного размера и более длинные черешки (до 15 см); у моносомиков F_1BC_1 с замещением хромосомы **7** - бледно-зеленая окраска листьев, трёх-дольчатые и пальчато-дольчатые листья, меньшее число зубцов на прицветниках (до 8); у моносомных гибридов F_1BC_1 с замещением хромосомы **18** - трёхдольчатые листья, укороченные черешки (8,5 см) с густым опушением, средне-мелкий размер цветка (6,5 см); у монотелодисомных гибридов F_1BC_1 с замещением одного плеча хромосомы **11** - толстые, двух-трёхдольчатые листья среднего размера, уменьшение числа зубцов (до 9) на прицветниках.

В восьмом разделе третьей главы диссертации “**Анализ скрещиваемости, завязываемости и всхожести гибридных семян F_1BC_2 , а также выживаемости гибридных растений F_1BC_2 , полученных от скрещиваний моносомных и монотелодисомных линий хлопчатника *G.hirsutum* L. с межвидовыми анеуплоидными гибридами F_1BC_1 с замещениями отдельных хромосом или их плеч**” представлены данные о скрещиваемости восьми идентифицированных моносомных линий (по хромосомам **4, 6, 7** и **18**) и одной монотелодисомной линии (с нехваткой плеча хромосомы **11**), выступающих в качестве рекуррентных родителей, с межвидовыми анеуплоидными гибридами F_1BC_1 , которые указали на существенные различия между ними (от 25,00 до 100%).

В девятом разделе данной главы “**Цитогенетический анализ анеуплоидных гибридов F_1BC_2 , полученных от скрещиваний рекуррентных родителей (*G.hirsutum* L.) с межвидовыми анеуплоидными гибридами F_1BC_1** ” представлены результаты цитологического изучения 12 гибридных семей F_1BC_2 на стадии метафаза-I и спорад мейоза, а также фертильности пыльцы, где анеуплоидные растения F_1BC_2 были обнаружены только в восьми гибридных вариантах. Изучение конъюгации хромосом на стадии метафаза-I мейоза у моносомных форм F_1BC_2 с замещениями хромосом **4, 6, 7 и 18** выявило нормальную для моносомиков хлопчатника конъюгацию хромосом с формированием 25 бивалентов и одного унивалента. Два монотелодисомных гибрида F_1BC_2 с замещением плеча хромосомы **11** характеризовались присутствием помимо бивалентов и гетероморфных бивалентов, еще и двух унивалентов разного размера с различной частотой ($0,75 \pm 0,37$ и $1,00 \pm 0,41$, в среднем на клетку), где второй отличался наличием квадривалента.

Анализ стадии спорад микроспор, проведенный у моносомных гибридов F_1BC_2 выявил высокий МИ (от $92,27 \pm 0,60$ до $98,04 \pm 0,46$) и небольшое число тетрад с микроядрами (от $0,22 \pm 0,15$ до $1,31 \pm 0,41\%$). Однако, один гибридный моносомик в варианте $F_1BC_2(Mo34 \times F_1BC_1293_3)$ с замещением хромосомы **6** выделялся снижением МИ (до $83,66 \pm 0,62$) и существенным увеличением числа тетрад с микроядрами (до $9,23 \pm 0,77\%$), что свидетельствовало о нерегулярности расхождения унивалентных хромосом в анафазе мейоза и формировании численно несбалансированных гамет. Анализ фертильности пыльцы, проведенный в восьми вариантах скрещиваний F_1BC_2 , обнаружил снижение фертильности пыльцы (до $83,26 \pm 1,41$, $75,00 \pm 1,66$ и $70,09 \pm 1,57\%$, соответственно) у растений трех вариантов $F_1BC_2(Mo59 \times F_1BC_11041_4, Mo92 \times F_1BC_11040_2$ и $Mo27 \times F_1BC_1111_5)$.

В десятом разделе третьей главы диссертации “**Биоморфологический анализ анеуплоидных гибридов F_1BC_2 , полученных от скрещиваний моносомных и монотелодисомных линий хлопчатника *G.hirsutum* L. с межвидовыми анеуплоидными гибридами F_1BC_1** ” было проведено сравнение анеуплоидных гибридов разных поколений, где беккроссные гибриды F_1BC_2 демонстрировали присутствие у моносомных гибридов F_1BC_2 с замещением хромосомы **4** - трёх-четырёх-пяти-шести-семи-восьми и девятидольчатых листьев, густой облиственности, густо опушенного стебля с короткими волосками, средне-опушенных листьев, длинных черешков и цветоножек (3-5 см); с замещением хромосомы **6** - компактность куста, очень густая облиственность, короткие симподиальные ветви (I-тип) и плодоножки (0,5-1,5 см), как у F_1BC_1 , темно-зеленые листья, как у F_1 и F_1BC_1 ; с замещением хромосомы **7** - зеленая окраска листьев, трёх-пальчатодольчатые листья; с замещением хромосомы **18** - слабое развитие растений, трехдольчатые листья, средне-мелкий размер цветка (5-6 см), шаровидная коробочка с маленьким носиком как у F_1 и F_1BC_1 ; с замещением одного плеча хромосомы **11** - толстые крупные трёх- и пальчатодольчатые листья,

шаровидные коробочки с маленьким носиком как у F_1BC_1 , которые были обусловлены замещением отдельным хромосомом или плеч хромосомом.

ВЫВОДЫ

На основе результатов проведенных исследований доктора философии (PhD) на тему «Цитогенетический анализ форм с замещениями отдельных хромосом у хлопчатника вида *G.hirsutum* L.» представлены следующие выводы:

1. Анализом скрещиваемости идентифицированных анеуплоидных линий вида *G.hirsutum* L. с линией Pima 3-79 вида *G. barbadense* L. выявлены различия (от 12,50 до 100%) в 18 вариантах скрещиваний, которые возникли из-за специфичности нехваток негомологичных хромосом и их плеч, тогда как отличия в завязываемости гибридных семян F_0 (от $16,00 \pm 4,23$ до $82,61 \pm 7,90\%$), а также всхожести семян F_1 (от 21,05 до 100%) и выживаемости растений F_1 (от 42,11 до 100%) были обусловлены влиянием замещений отдельных хромосом и плеч хромосом генома хлопчатника.

2. Изучение конъюгации хромосом на стадии МI мейоза у анеуплоидов F_1 с замещением отдельных хромосом или их плеч обнаружило нормальную для анеуплоидов хлопчатника конъюгацию хромосом, тогда как в одной семье ($F_1Mo95 \times Pima 3-79$) моносомик с замещением хромосомы **6** характеризовался наличием одного квадриллента. Анализ спорад обнаружил высокий МИ (от $94,32 \pm 0,74$ до $99,93 \pm 0,07\%$) и небольшое число тетрад с микроядрами (от $0,02 \pm 0,02$ до $1,18 \pm 0,31\%$), тогда как анализ фертильности пыльцы выявил сильные отличия.

3. Биоморфологические различия анеуплоидных межвидовых гибридов F_1 с замещением отдельных хромосом и плеч хромосом от вида *G. barbadense* характеризовались изменчивостью большинства изученных признаков по сравнению с исходными родителями (Л-458 и Pima 3-79) и дисомным гибридом F_1 , что было обусловлено нехватками специфических хромосом (**2, 4, 6, 7 и 18**) и отдельных плеч хромосом (**тело 6 и тело 11**).

4. Анализ скрещиваемости межвидовых анеуплоидных гибридов F_1BC_1 , полученных от скрещиваний анеуплоидных линий с межвидовыми анеуплоидами F_1 , обнаружил общее снижение скрещиваемости (от 6,25 до 80,00%) у большинства гибридов, что объяснялось участием в скрещиваниях одновременно двух форм с нехватками отдельных хромосом, тогда как изучение завязываемости гибридных семян F_1BC_1 выявило общее снижение в пяти комбинациях скрещиваний (от $21,95 \pm 6,46$ до $52,78 \pm 8,32\%$) и увеличение в пяти других (от $30,43 \pm 9,59$ до $71,70 \pm 6,19\%$). По всхожести семян также наблюдалось снижение в шести вариантах (от 22,22 до 60,00%), а по выживаемости - в пяти комбинациях (от 80,00 до 94,44%).

5. Сравнительный анализ конъюгации хромосом на стадии МI мейоза у 14 гибридных моносомиков F_1BC_1 с замещением хромосом **4, 6, 7 и 18** и отдельных плеч хромосом **6** и **11** обнаружил нормальную для анеуплоидов хлопчатника конъюгацию хромосом. Анализ спорад показал высокий МИ (до $98,99 \pm 0,20$) и небольшое число тетрад с микроядрами (до

1,21±0,42%), тогда как изучение фертильности пыльцы выявило различия между гибридами (от 67,27±1,45 до 95,72±0,91%), что указало на специфические различия по этому признаку у анеуплоидов F₁BC₁ с замещением специфических хромосом или их плеч.

6. Биоморфологический анализ анеуплоидных гибридов F₁BC₁ обнаружил такие отличительные особенности, как: густо-опушенный стебель с короткими волосками, длинные цветоножки (3-5 см) с замещением по хромосоме **4**; короткие симподиальные ветви (I-тип) и плодоножки (0,5-1,5 см) с замещением по хромосоме **6**; бледно-зеленая окраска листьев, меньшее число зубцов на прицветниках (до 8 шт.) с замещением по хромосоме **7**; двух- и трёх-дольчатые листья с замещением плеча хромосомы **11**; укорочение густо-опушенного черешка (8,5 см); средне-мелкий размер цветка (6,5 см) с замещением по хромосоме **18**.

7. Скрещиваемость девяти анеуплоидных линий с анеуплоидными гибридами F₁BC₁ существенно различалась (от 25,00 до 100%), тогда как изучение завязываемости семян F₁BC₂ выявило общее снижение завязываемости по сравнению с гибридами F₁ и F₁BC₁, за исключением варианта F₁BC₂(Mo27x F₁BC₁111₂) с увеличением завязываемости (до 54,17±4,55%). Анализ всхожести семян F₁BC₂ показал снижение всхожести в пяти вариантах скрещиваний (от 34,38 до 85,71%) и увеличение в четырех (от 75,00 до 94,44%), по сравнению с гибридами F₁BC₁, а также снижение выживаемости в трех вариантах (от 81,82 до 94,12%) и наивысшую выживаемость в шести вариантах.

8. Анализ беккроссных F₁BC₂, обнаружил гибридные анеуплоиды только в восьми вариантах с замещениями хромосом **4**, **6**, **7** и **18** и плеча хромосомы **11**. Изучение спорад выявило высокий МИ (до 98,04±0,46%) и небольшое число тетрад с микроядрами (до 1,31±0,41%) у большинства растений, а также высокую фертильность пыльцы (до 95,96±0,70%), за исключением трех вариантов скрещиваний со снижением этого показателя.

9. Анеуплоидные беккроссные гибриды F₁BC₂ с замещениями хромосом **4**, **6**, **7** и **18** и плеча хромосомы **11** продемонстрировали сходные признаки с исходными анеуплоидными гибридами F₁ и F₁BC₁, что указало на связь этих изменений с замещениями хромосом и плеча хромосомы.

РЕКОМЕНДАЦИИ

1. Хромосом-замещенные гибриды F₁, F₁BC₁ и F₁BC₂ рекомендуются для молекулярно-генетических анализов с целью хромосомной приписки новых SSR-маркеров.

2. Хромосом-замещенные гибриды F₁, F₁BC₁ и F₁BC₂ могут использоваться для создания новых хромосом-замещенных линий по хромосомам (**2**, **4**, **6** и **7**) и плеч хромосом (**6** и **11**) A_h-субгенома и по хромосоме **18** D_h-субгенома.

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

**NATIONAL UNIVERSITY OF UZBEKISTAN NAMED MIRZO
ULUGBEK**

BOBOKHUYAYEV SHUKHRAT UMAROVICH

**CYTOGENETIC ANALYSIS OF THE FORMS WITH SUBSTITUTIONS
OF THE INDIVIDUAL CHROMOSOMES OF THE COTTON
*G.HIRSUTUM L.***

03.00.09 – General genetics

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

Tashkent – 2021

The title of the doctoral dissertation (PhD) has been registered by the Supreme Attestation Commission at the Cabinet of Ministers of the Republic of Uzbekistan with registration numbers of B2020.2.DSc/B117

The dissertation has been carried out at the National University of Uzbekistan named Mirzo Ulugbek.

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

Scientific consultant:

Sanamyan Marina Feliksovna
Doctor of Biological Sciences

Official opponent:

Nabiyev Saidgani Muxtorovich
Doctor of Biological Sciences

Egamberdieva Saida Abdusamatovna
Doctor of Agricultural Sciences

Leading organization:

Tashkent state Agrarian university

The defense of the dissertation will take place on « 8 » July 2021 at 14⁰⁰ at the meeting of Scientific council DSc.02/30.122019.B.53.01 at the Institute Genetics and Plant Experimental Biology (Address: 111226, Tashkent region, Kibray, Yuqori-yuz, Conference hall of the palace of the Institute of Genetics and Plant Experimental Biology. Tel.: (+99871) 264-23-90; fax (+99871) 264-23-90; E-mail: igebr@academy.uz)

Dissertation is registered in Information-resource Centre of Institute of Genetics and Plant Experimental Biology (with registration № 267 where can be familiarized in the Informational Resource Centre. Address: 111226, Tashkent region, Kibray, Yuqori-yuz. Tel.: (+99871) 264-23-90; fax (+99871) 264-23-90; E-mail: igebr@academy.uz)

Abstract of dissertation sent out on « 17 » June 2021 year
(mailing report № 40 dated 17 June 2021)



I.J.Kurbanbaev
Chairman of the Scientific Council for
awarding of the scientific degrees,
Doctor of Biological sciences

B.Kh.Amanov
Scientific Secretary of the Scientific
Council for awarding of the scientific
degrees, Doctor of Biological sciences

Sh.Yunuskhanov
Chairman of the Scientific Seminar
under Scientific Council for awarding
the scientific degrees, Doctor of
Biological Sciences, Professor

Introduction (abstract of the doctor of philosophy (PhD) dissertation)

The aim of the research work: Obtaining new interspecific aneuploid hybrid forms of cotton by purposefully substitution specific chromosomes or their arms from the species *G. barbadense* L. to the species *G. hirsutum* L. using previously obtained aneuploid lines of the species *G. hirsutum* L. with deficiencies of individual chromosomes or their arms of the Cytogenetic collection of NUUz, as well as the studying of their cytogenetic and biomorphological features.

The object of the research are interspecific hybrid plants F_1 obtained from crosses of previously identified aneuploid cotton lines of the species *G. hirsutum* with the line Pima 3-79 of the species *G. barbadense*, as well as backcross hybrid cotton plants with substitutions of individual chromosomes or their arms, obtained from crosses of the recurrent parent (aneuploid line *G. hirsutum*) with different interspecific aneuploid hybrids F_1 and F_1BC_1 .

The scientific novelty of the research is follow:

for the first time, the indicators of crossability, setting and germination of hybrid seeds, as well as the survival of hybrid F_1 plants, backcross hybrid plants F_1BC_1 and F_1BC_2 with substitutions of individual chromosomes (**2, 4, 6, 7 and 18**) and their arms (**telo 6 and telo 11**) were studied;

analysis of pairing of chromosomes at the stage of metaphase-I and meiotic sporades, as well as pollen fertility in new interspecific aneuploid F_1 hybrids with substitutions of individual chromosomes or their arms, obtained from crosses of previously identified aneuploid lines of the species *G. hirsutum* with the line Pima 3-79 of species *G. barbadense* L. and interspecific aneuploid backcross plants F_1BC_1 and F_1BC_2 with substitutions of individual chromosomes and chromosome arms;

by biomorphological analysis, morphological characters were studied in new interspecific aneuploid hybrid F_1 for six chromosomes, as well as interspecific aneuploid backcross hybrid plants F_1BC_1 and F_1BC_2 of cotton with substitutions of individual chromosomes and their chromosome arms:

on the basis of the genotype of the inbred line L-458 of the species *G. hirsutum*, new interspecific aneuploid hybrid forms F_1 and backcross forms F_1BC_1 and F_1BC_2 with substitutions of individual chromosomes and chromosome arms were detected.

Implementation of research results. Based on the results obtained for cytogenetic analysis of forms with substitutions of individual chromosomes in cotton species *G. hirsutum* L. were obtained:

the hybrids with substitutions of individual chromosomes were used to localization SSR markers, №QX-EA-FA-2018-78 "Identification of defective chromosomes in unique monosomic hybrids of cotton (*G. hirsutum* L.) by using DNA marker technology" (Reference of the Academy of Sciences of the Republic of Uzbekistan № 4/1255-1845 dated September 9, 2020). These data contributed to the identification of some specific chromosomes in F_1 hybrids with chromosome substitution;

backcross hybrids F_1BC_2 with substitution of individual chromosomes are included in the project "Unique object of Uzbekistan" entitled "Genetic collection of inbred, mutant, introgressive and cytogenetic lines-synthetic genetic sources of cotton traits" (Reference of the Ministry of Higher and Secondary Education of the Republic of Uzbekistan №89-03-4913 dated 24 November 2020). This contributed to the enrichment of the genetic collection of cotton germplasm;

a hybrid Mo62xPima 3-79 with substitutions of chromosomes and monosomic lines was used at the Institute of Botany Russian Academy of Sciences in cytoembryological research (Reference of the V.L. Komarov Botanical Institute of the Russian Academy of Sciences No. 12503 / VIII-461-597 dated September 15, 2020), The results of these samples made it possible to determine the nature of the development of the reproduction system of the paternal and maternal forms, the formation and intensity of development in cytoembryological studies.

The volume and structure of the dissertation. The dissertation consists of an introduction, three chapters, conclusions, a list used literature and applications. The volume of the dissertation is 120 pages.

СПИСОК ОПУБЛИКОВАННЫХ РАБОТ

Эълон қилинган ишлар рўйхати

List of published works

I бўлим (I часть; I part)

1. Sanamyan M.F., Makamov A.K., Bobokhujayev Sh.U., Usmonov D.E., Buriev Z.T., Saha S., Stelly D.M. The Utilization of Translocation Lines and Microsatellite Markers for the Identification of Unknown Cotton Monosomic Lines// Chapter 8. «Cotton Research», Intech. – Croatia. 2016. - P. 167-183.
2. Санамьян М.Ф., Бобохужаев Ш.У. Анализ фертильности пыльцы у анеуплоидных гибридов с замещениями отдельных хромосом или их плеч у хлопчатника вида *G.hirsutum* L. // Биомика (Россия). - 2020. - Т.12. №3. - С. 376-379.
3. Бобохужаев Ш.У., Санамьян М.Ф. Биоморфологический анализ анеуплоидных гибридов F₁, полученных от скрещиваний анеуплоидных линий вида *G.hirsutum* L. с линией Pima 3-79 вида *G.barbadense* L. //Узбекский Биологический журнал. - 2019. № 4. – С.46-51. (03.00.00; №5).
4. Санамьян М.Ф. Бобохужаев Ш.У. Идентификация унивалентных хромосом у моносомных линий хлопчатника *Gossypium hirsutum* L. с помощью цитогенетических маркеров // Вавиловский журнал генетики и селекции. 2019. Том.23. - №7. - С. 836-845. (Impact factor-0.45). (03.00.00; №9).
5. Санамьян М.Ф., Бобохужаев Ш.У. Цитогенетический анализ анеуплоидных гибридов с замещениями отдельных хромосом или их плеч у хлопчатника вида *G.hirsutum* L. // Вестник НУУз. - 2019. - №3/2. - С. 158-164. (03.00.00; №9).
6. Bobokhujayev Sh. U., Sanamyan M. F. Alohida xromosomasi-almashgan F₁ monosomik duragayda biomorfologik tahlili // Научный вестник НамГУ. - 2019. - №5. - С.51-55. (03.00.00; №17).
7. Бобохужаев Ш.У., Абдукаримов Ш.С., Макамов А.Х., Санамьян М.Ф. Идентификация анеуплоидных гибридов с замещениями отдельных хромосом или их плеч с помощью цитогенетического и молекулярно-генетического анализа//Молекулярная генетика, Микробиология и вирусология. - 2019. - Спецвыпуск. - С.17. (Impact factor-0,35).
8. Бобохужаев Ш.У., Санамьян М.Ф. Изучение цитологических особенностей гибридных растений хлопчатника с замещением отдельных хромосом // Научный вестник НамГУ. - 2019. - № 6. - С.124-128. (03.00.00; №17).
9. Бобохужаев Ш.У., Санамьян М.Ф., Абдуллаева М.М. Скрещиваемость моносомных линий хлопчатника вида *G.hirsutum* L. с линией Pima 3-79 вида *G.barbadense* L. // Доклады Башкирского университета. (Россия). -

2018. - Том 3. - №4. - С. 371-374.

10. Бобохужаев Ш.У., Санамьян М.Ф. Анализ завязываемости и всхожести гибридных семян F_0 , а также выживаемости гибридных растений F_1 , полученных от скрещивания моносомных линий хлопчатника *G.hirsutum* L. с линией Pima 3-79 вида *G.barbadense* L. // Вестник НУУз. - 2018. - №3/2. - С. 52-57. (03.00.00; №9)
11. Санамьян М.Ф., Бобохужаев Ш.У., Макамов А.Х., Ачилов И.Ю., Абдурахмонов И.Ю. Использование гибридов с замещениями отдельных хромосом и SSR-маркеров для идентификация моносом //Узбекский Биологический журнал. – 2016. – Спецвыпуск. - С. 30-33. (03.00.00; №5)
12. Санамьян М.Ф., Бобохужаев Ш.У., Макамов А.Х., Ачилов С.Г., Абдурахмонов И.Ю.Создание новой серии анеуплоидных линий у хлопчатника (*Gossypium hirsutum* L.) с идентификацией нехваток отдельных хромосом с помощью транслокационных и SSR-маркеров// Вавиловский журнал генетики и селекции, (Россия). – 2016. - Т.20. - №5. С.643-652. (Impact factor-0,45). (03.00.00; №9).
13. Санамьян М.Ф., Бобохужаев Ш.У., Макамов А.Х., Усмонов Д.Е., Абдурахмонов И.Ю. Использование молекулярных маркеров для идентификации моносомиков хлопчатника //Вестник НУУз. - 2015. - №2/3. - С. 107-111. (03.00.00; №9).

II бўлим (II часть; II part)

14. Санамьян М.Ф., Бобохужаев Ш.У. Оценка цитогенетической стабильности гибридных растений хлопчатника и их беккроссных потомств с замещениями отдельных хромосом // Генофонд и селекция растений V международная конференция. Новосибирск (Россия). 11–13 ноября 2020 г. – С. 257-261.
15. Бобохужаев Ш.У., Санамьян М.Ф. Состояние работ по созданию хромосом-замещенных линий у хлопчатника вида *G.hirsutum* L. // Международная науч. конф. «Изучение, развитие, сохранение, перспективы эффективного использования биоразнообразия генофонда хлопчатника и других культур». Ташкент. - 20–21 октября 2020 г. - С. 143-146.
16. Бобохужаев Ш.У., Санамьян М.Ф. Цитогенетический и биоморфологический анализ анеуплоидных гибридов F_1BC_1 с замещениями отдельных хромосом //Респ. науч. конф. «Современные проблемы генетики, геномики и биотехнологии». Ташкент. - 16 мая 2019 г. - С. 191-193.
17. Бобохужаев Ш.У., Санамьян М.Ф., Абдукаримов Ш.С., Обабакирова М.К. Айрим цитологик тахлиллар ёрдамида турлараро дурагайлар орасидан F_1

моносомик ва монотелодисомик дурагайлар ажратиб олиш // «Генетика, геномика ва биотехнологиянинг замонавий муаммолари», Респ. илмий анжумани. Тошкент. - 16 май 2019 йил. – 193-195 б.

18. Bobokhujayev Sh.U., Sanamyan M.F. Cytogenetic study of the hybrids F₁BC₁ with interspecific chromosome substitution of species *G. barbadense* L. //Plant Genetics, Genomics, Bioinformatics, and Biotechnology. The Fifth International Scientific Conference. Abstracts. - June 24–29, 2019. Novosibirsk, Russia. - P. 48.
19. Бобохужаев Ш.У. Алоҳида хромосомаси алмашган линияларнинг аҳамияти // Ёш олимлар тадқиқотларида инновацион ғоялар ва технологияларнинг ўрни. Респ. илмий-амалий конф. Тошкент. - 27 апрель 2018 йил. – 150-152 б.
20. Бобохужаев Ш.У., Санамьян М.Ф. Цитологическое изучение межвидовых гибридов F₁ с замещениями отдельных идентифицированных хромосом вида *Gossypium barbadense* L. // Респ. науч. конф. «Современные проблемы генетики, геномики и биотехнологии». Ташкент. - 18 мая 2018 г. - С. 184-186.
21. Бобохужаев Ш.У., Санамьян М.Ф. Анализ завязываемости гибридных семян F₀, полученных от скрещивания моносомных линий хлопчатника *G.hirsutum* L. с линией Pima 3-79 вида *G.barbadense* L. // Респ. науч-практ. конф. «Интеграция фундаментальной науки и практики: Проблемы и перспективы». Ташкент. – 24-25 мая 2018 г. - С. 185-186.
22. Бобохужаев Ш.У., Санамьян М.Ф. Влияние на фертильность пыльцы хлопчатника чужеродной хромосомы от вида *G. barbadense* L. к виду *G. hirsutum* L.//A collection of materials of the international conference "Prospects of an intensive approach to innovative development". Namangan. Uzbekistan. - 2018. - P. 140-142.
23. Санамьян М.Ф., Бобохужаев Ш.У., Макамов А.Х., Ачилов И.Ю., Абдурахмонов И.Ю. Генотипирование хромосом-замещенных гибридов хлопчатника с помощью молекулярного анализа //Сборник тезисов респ. науч. конф. «Современные Проблемы Генетики, Геномики и Биотехнологии». - 18 мая 2016. – С. 40-43.
24. Бобохужаев Ш.У., Санамьян М.Ф., Макамов А.Х., Абдурахмонов И.Ю. Хромосом-замещенные формы - незаменимый инструмент для обогащения генетических ресурсов хлопчатника //VII Международная школа молодых учёных по молекулярной генетике «Геномика и биология живых систем» 14-18 ноября 2016 г. Москва – Звенигород. Россия. - 2016 г. - С. 18.
25. Бобохужаев Ш.У. Развитие гипоанеуплоидных хромосом-замещенных гибридов F₁, полученных от скрещивания моносомных и телоцентрической линий вида *G.hirsutum* L. с линией Pima 3-79 вида *G.barbadense* L. // Ёш

олим ва талабаларнинг “XXI аср-интеллектуал авлод сари”. Тошкент шаҳри ва Тошкент вилояти илмий-амалий конференцияси. Тош. 2015й. 25-26 май. - 177-179 б.

26. Санамьян М.Ф., Бобохужаев Ш.У. Создание линий с замещениями отдельных хромосом как нового источника *germplasm* у хлопчатника // «Достижения, проблемы и перспективы агробиологии сельскохозяйственных культур»: Мат. респ. науч.-практ. конф.-посвящ. 100 – летию академика М.В. Мухамеджанова 5 июня 2015, Ташкент. - С. 235-237.
27. Санамьян М.Ф., Бобохужаев Ш.У., Макамов А.Ш., Усмонов Д.Е., Буриев З.Т., Абдурахмонов И.Ю. Идентификация кариотипов хромосом-замещенных гибридов хлопчатника первого поколения методами молекулярного и цитогенетического анализа // Матер. научно-практ. конф. «Актуальные проблемы биологии и экологии», посвящ 70-летию проф. Алматова К.Т. - 14 сентября 2015. - С. 228-230.
28. Sanamyuan M.F., Bobokhujaev SH.U. Investigation of monosomic stocks for creation of substitution forms in cotton *Gossypium hirsutum* L. // Plant Biology and Biotechnology. International conference. Казахстан, Алмата. 28-30 май. – 2014. - С. 24.
29. Бобохужаев Ш.У., Санамьян М.Ф. Цитогенетический анализ гибридов F₁ от скрещивания моносомных линий вида *G. hirsutum* L. и линии Pima 3-79 вида *G. barbadense* L. // VI международная школа молодых учёных по молекулярной генетике «Геномика и Системная биология» 16-21 ноября 2014 г. Москва – Звенигород. Россия. - 2014 г. - С. 15.

Свидетельствы:

1. «Свидетельство об официальной регистрации программы для электронных – вычислительных машин» за № DGU 05833 под названием “**Pollen**” Агентства по интеллектуальной собственности Республики Узбекистана. Авторы: Bobokhujaev Sh.U., Sanamyuan M.F., UZ
2. «Свидетельство об официальной регистрации программы для электронных – вычислительных машин» за № DGU 05834 под названием “**Flowers**” Агентства по интеллектуальной собственности Республики Узбекистана. Авторы: Bobokhujaev Sh.U., Sanamyuan M.F., Abdulkarimov Sh.S., UZ
3. «Свидетельство об официальной регистрации программы для электронных – вычислительных машин» за № DGU 2018 0855 под названием “**Sporada**” Агентства по интеллектуальной собственности Республики Узбекистана. Авторы: Bobokhujaev Sh.U., Sanamyuan M.F., UZ.

Автореферат «Ўзбекистон биология журнали» таҳририятида таҳрирдан
ўтказилди.

Бичими 60x84 1/16 , «Times New Roman»
гарнитурда рақамли босма усулида босилди.
Шартли босма табағи 2,875. Адади:100. Буюртма: № 14.

Ўзбекистон Республикаси Фанлар Академияси
Асосий кутубхонаси босмахонасида чоп этилди.
Тошкент шаҳри, Зиёлилар кўчаси, 13-уй.