



ANALYSIS OF INTERSPECIFIC COTTON HYBRIDS USING SSR MARKERS AND IDENTIFICATION OF CHROMOSOME-SUBSTITUTED HYBRIDS

Rukhsora Khalimova

Researcher

Tashkent, Uzbekistan

ABOUT ARTICLE

Key words: Cotton (*Gossypium hirsutum* L.), *G. barbadense*, interspecific hybridization, fiber quality, cotton breeding, selection, genetic methods, innovative technologies, disease resistance, productivity, earliness, new varieties, intensive methods, scientific research.

Received: 20.09.25

Accepted: 22.09.25

Published: 24.09.25

Abstract: In Uzbekistan, innovative developments in agricultural production, the introduction of new genetic methods are actively working to create disease-resistant, high-yielding plant varieties. In particular, the Action Strategy for the further development of the Republic of Uzbekistan sets the tasks of "introduction of intensive methods in agricultural production and the creation of new selective varieties adapted to local climatic and environmental conditions." Scientists are stepping up research on these tasks. The reason why *G. hirsutum* L. type of cotton is in the center of attention of scientists is that the varieties belonging to this species differ from other species by their diversity, but at the same time the varieties belonging to this species have many features in agriculture. may not have sufficient effect in use, including varieties of this type are not superior to varieties of *G. barbadense* L. type in terms of fiber quality. And its resistance to various environmental conditions and cotton pests poses a new challenge to genetic scientists. *G. barbadense* L. The genes responsible for fiber length, toughness, and softness are significantly superior to the varieties of *G. hirsutum* L., which are widely grown in many respects for the fine-grained characteristics of *G. barbadense* L. Attempts to transfer (introgress) from the genus *G. hirsutum* L. to the genome of the species by the method of interspecific hybridization are hampered by infertility, disorders of the separation process and limited

recombination due to partial mismatch between these two cultivated allotetraploid cotton species. Dess was to identify univalent chromosomes of SSR hybrid plants using SSR markers and cross-linked aneuploid lines of *G. hirsutum* L. genus with *G. barbadense* L. genus Pima 3-79 and which chromosome in hybrids determine the exchange.

Aneuploid lines belonging to the *G. hirsutum* L. genus of cotton were obtained by cross-mixing F1 hybrid plants with the Pima 3-79 line belonging to the *G. barbadense* L. species, and identification using SSR markers is the subject of research. DNA separation by STAB method, Gel electrophoresis, PCR, Mathematical statistics, Biomorphological.

G'O'ZANINIG TURLARARO DURAGAYLARINI SSR MARKERLAR YORDAMIDA TAXLIL QILISH VA XROMOSOMASI ALMASHGAN DURAGAYLARNI ANIQLASH

Ruxsora Halimova

Tadqiqotchi

Toshkent, O'zbekiston

MAQOLA HAQIDA

Kalit so'zlar: G'o'za (*Gossypium hirsutum* L.), *G. barbadense*, turlararo duragaylash, tola sifati, paxtachilik, seleksiya, genetik usullar, innovatsion ishlanmalar, kasalliklarga chidamlilik, hosildorlik, ertapisharlik, yangi navlar, intensiv usullar, ilmiy tadqiqotlar.

Annotatsiya: O'zbekistonda qishloq xo'jaligi ishlab chiqarishiga innovatsion ishlanmalar, yangi genetik usullarni tadbiq qilish orqali kasalliklarga chidamli, yuqori hosil beradigan o'simlik navlarini yaratish ishlari jadal amalga oshirilmoqda. Jumladan O'zbekiston Respublikasini yanada rivojlantirish bo'yicha harakatlar strategiyasida "qishloq xo'jaligi ishlab chiqarish sohasida intensiv usullarni joriy etish hamda mahalliy er-iqlim va ekologik sharoitlarga moslashgan yangi selektiv navlarni yaratish" vazifalari belgilab berilgan. Shu vazifalar yuzasidan olimlar ilmiy tadqiqot ishlarini yanada jadallashtirishmoqda. G'o'zaning *G. hirsutum* L. turi olimlar e'tibor markazida bo'lishi sababi bu turga kiruvchi navlar o'zining xilma-hilligi bilan boshqa turlardan farq qiladi ammo shu bilan bu turga kiruvchi navlar bir qancha xususiyatlari bilan qishloq xo'jaligida foydalanishda etarlicha effekt bermasligi mumkin jumladan bu turga kiruvchi navlar tola sifati jihatidan *G. barbadense* L. turining navlaridan ustun emas. Hamda turli hil ekologik sharoitlarda va g'o'za zararkunandalariga nisbatan chidamsizligi

genetik olimlar oldiga yangi vazifani qo'yadi. G'o'zaning ingichka tolali G.barbadense L. turi tola xususiyatlarining ko'pgina belgilari bo'yicha keng etishtiriladigan G. hirsutum L. turi navlaridan sezilarli darajada ustunlikka ega tola sifati- tola uzunligi, pishiqligi va mayinligiga javobgar genlarni G.barbadense L. turidan G.hirsutum L. turi genomiga turlararo duragaylash uslubi orqali o'tkazish (introgressiya qilish) harakatlarida bepustlik, ajralish jarayonidagi buzulishlar va ushbu etishtirilayotgan ikki allotetraploid g'o'za turlari o'rtasida qisman nomutonositlik oqibatidagi cheklangan rekombinasiyalar tufayli qiyinchiliklar yuzaga kelmoqda. G'o'zaning G.hirsutum L. turiga mansub aneuploid liniyalarni G.barbadense L. turi mansub Pima 3-79 liniyasi bilan o'zaro chatishtirib olingan duragay o'simliklarini SSR markerlar yordamida univalent xromosomalarni identifikatsiya qilish va duragaylarda kaysi xromosoma almashganligi aniqlash.

G'o'zaning G.hirsutum L. turiga mansub aneuploid liniyalarni G.barbadense L. turi mansub Pima 3-79 liniyasi bilan o'zaro chatishtirib olingan F1 duragaylar o'simliklar olindi va SSR markerlar yordamida identifikatsiya qilish tadqiqotning predmeti hisoblanadi. G'o'zaning monosomik liniyalari va Pima 3-79 liniyasi (AQSh) ishtirokidagi turlararo F1 (Mo69, Mo76, Mo79, Mo81) duragay o'simliklarda birinchi STAB usulida DNK ajratish, Gel elektroforez, PZR qo'yish. G'o'zaning G.hirsutum L. turiga mansub aneuploid liniyalarni G.barbadense L. turi mansub Pima 3-79 liniyasi bilan o'zaro chatishtirib olingan F1 duragaylar o'simliklar xromosomasini identifikatsiyalash nazariy va amaliy ahamiyatga ega.

АНАЛИЗ МЕЖВИДОВЫХ ГИБРИДОВ ХЛОПЧАТНИКА С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ SSR-МАРКЕРОВ И ВЫЯВЛЕНИЕ ГИБРИДОВ С ЗАМЕНЁННЫМИ ХРОМОСОМАМИ

Рухсора Халимова

Исследователь

Ташкент, Узбекистан

О СТАТЬЕ

Ключевые слова: Хлопчатник **Аннотация:** В Узбекистане активно (Gossypium hirsutum L.), G.barbadense, ведутся инновационные разработки в

межвидовая гибридизация, качество волокна, хлопководство, селекция, генетические методы, инновационные разработки, устойчивость к болезням, урожайность, скороспелость, новые сорта, интенсивные методы, научные исследования.

области сельскохозяйственного производства, внедряются новые генетические методы, направленные на создание устойчивых к болезням и высокоурожайных сортов растений. В частности, в Стратегии действий по дальнейшему развитию Республики Узбекистан определены задачи «внедрения интенсивных методов в сельскохозяйственное производство и создания новых селекционных сортов, адаптированных к местным климатическим и экологическим условиям». Учёные активно усиливают исследования в этом направлении.

Причина, по которой вид *Gossypium hirsutum* L. находится в центре внимания исследователей, заключается в том, что сорта, относящиеся к этому виду, отличаются разнообразием, однако при этом обладают рядом агрономических особенностей, которые не всегда обеспечивают достаточную эффективность в использовании. В частности, сорта этого вида уступают сортам *G. barbadense* L. по показателям качества волокна. Кроме того, устойчивость к различным условиям окружающей среды и вредителям хлопчатника создаёт новые задачи для генетиков.

Гены *G. barbadense* L., ответственные за длину, прочность и мягкость волокна, значительно превосходят по этим признакам сорта *G. hirsutum* L., которые широко культивируются. Попытки переноса (интрогрессии) ценных признаков из *G. barbadense* L. в геном *G. hirsutum* L. методом межвидовой гибридизации затруднены из-за стерильности гибридов, нарушений процесса расхождения хромосом и ограниченной рекомбинации, вызванной частичным несоответствием между этими двумя культивируемыми аллотетраплоидными видами хлопчатника.

Целью данного исследования является выявление унивалентных хромосом у межвидовых гибридных растений хлопчатника с использованием SSR-маркеров и определение, какие хромосомы участвуют в обмене между анеуплоидными линиями *G. hirsutum* L. и видом *G.*

barbadense L. (линия Pima 3-79).

Анеуплоидные линии, относящиеся к виду *G. hirsutum* L., были получены путём скрещивания гибридных растений F_1 с линией Pima 3-79 вида *G. barbadense* L.. Идентификация проводилась с использованием SSR-маркеров. В исследовании применялись методы выделения ДНК по STAB-методу, гель-электрофорез, ПЦР, математическая статистика и биоморфологический анализ.

Kirish. G‘o‘za (*G.hirsutum* L.) dunyo to‘qimachilik sanoatini tabiiy tola bilan ta‘minlovchi asosiy ekinlardan biri hisoblanadi. Shu sababdan ushbu ekinning tola sifat ko‘rsatkichlarini yaxshilash, paxtachilik bilan shug‘ullanuvchi davlatlar g‘o‘za seleksiyasi dasturlarining eng asosiy va muhim vazifalaridan biri hisoblanadi.

Respublikamizda paxtachilik soxasida intensiv va innovatsion ishlanmalarjoriy qilingan xolda tola sifati yuqori, ertapishar va serhosil g‘o‘za navlarini yaratishga allohida e‘tibor qaratilmoqda. Shu jumladan qishloq xo‘jaligi ishlab chiqarishiga innovasion ishlanmalar, yangi genetik usullarni tadbiq qilish orqali kasalliklarga chidamli, yuqori hosil beradigan o‘simlik navlarini yaratish ishlari jadal amalga oshirilmoqda. Jumladan O‘zbekiston Respublikasini yanada rivojlantirish bo‘yicha harakatlar strategiyasida “qishloq xo‘jaligi ishlab chiqarish sohasida intinsiv usullarni joriy etish hamda mahalliy iqlim va ekologik sharoitlarga moslashgan yangi selektiv navlarni yaratish” vazifalari belgilab berilgan. Shu vazifalar yuzasidan olimlar ilmiy tadqiqot ishlarini yanada jadallashtirishmoqda. G‘o‘zaning *G.hirsutum* L. turi serhosil, ertapishar bo‘lganligi bilan bir qatorda tolasining sifati *G.barbadense*ga nisbatan pastroq va dag‘alroq. Bundan tashqari kasalliklarga chidamsizroq bo‘lganligi uchun, uning chidamli navlarini olishni taqozo etadi. Shuning uchun O‘zbekistonda serhosil, ertapishar, kasalliklarga chidamli hamda yuqori sifatli tolaga ega g‘o‘za navlarini yaratish ustida ilmiy tadqiqotlar olib borilmoqda. Bunday xususiyatga ega bo‘lgan navlarni olish uchun turlararo duragaylashni amalga oshirish kerak bo‘ladi

Adabiyotlar sharhi. SSR markerlari: oddiy ketma-ketlikni takrorlab belgilangan mikrosatellit, PZR asosidagi markerlardir. Ular qisqa nukleotidli tasodifiy tandem takrorlanishi (uzunligi 2-6 bp / nukleotidlar). Di-, tri- va tetra-nukleotid takrorlanishi, masalan. (GT) n , (AAT) n va (GATA) n , o‘simliklar va hayvonlarning genomlari bo‘ylab keng tarqalgan. Ushbu takrorlanishlarning nusxa soni individual ravishda farq qiladi va o‘simliklarda polimorfizm manbai hisoblanadi [1,2].

SSR markerlarining afzalliklari shundan iboratki, ularni PZR yordamida osonlikcha tahlil qilish va PAGE yoki AGE tomonidan osongina aniqlash mumkin. SSR tahlillari faqat juda kichik DNK namunalarini talab qiladi va qo'lda tahlil qilish uchun past boshlang'ich xarajatlar [3].

1990-yillardan boshlab SSR markerlari genetik bog'lanish xaritalarini tuzishda, QTL xaritalashda, marker yordamida tanlovda va o'simliklarda germplazma tahlilida keng qo'llanila boshlandi. Ko'pgina turlarda ko'plab seleksionerlarga mos SSR markerlari ishlab chiqilgan va seleksionerlar uchun mavjuddir. Masalan, soya fasulyasidagi barcha 20 ta guruhlar bo'yicha ishlab chiqilgan va xaritalab qo'yilgan 35000 dan ortiq SSR markerlari mavjud va bu ma'lumotlar jamoatchilik uchun mavjud [2].

Molekulyar tadqiqotlarda SSR markerlar alohida o'ringa ega. 2006 yilgacha g'o'zada 5484 ta mikrosatellit markerlar ishlab chiqarilgan bo'lib, ular Cotton Microsatellite Database (CMD-g'o'za mikrosatellitlar bazasi)da yig'ilgan. Bu bazada 379 ta BNL, 309 ta JESPR, 392 ta CIR, 53 ta CM, 84 ta MGHEs, 1169 MUSS/MUCS, 1032 ta NAU, 750 ta TMB, 1316 ta MUSB SSR markerlar mavjud [4.5].

Baza keyinchalik yangi markerlar bilan boyitildi. 2007 yil S.M.Hoffman va boshqalar 700 ta Gh markerlarni [29], 2009 yil J.Xiao va bsh. 2937 ta mikrosatellit markerlarni ishlab chiqishdi [4].

SSR markerlardan foydalanilgan holda g'o'zaning genetik xaritasini yaratilgan (J.M.Lacape.2003., Z.-Sh.Zhang2009., A,Blenda. 2012). Bundan tashqari xromosomasi almashgan g'o'za o'simliklarini molekulyar tahlil qilishda foydalaniladi [2.4].

Birinchi mikrosatellit 1984-yil Leyster Universiteti olimlari: Veller, Jefreys va uning hamkasblari tomonidan inson mioglobinida aniqlangan. Ular buni polimorfik GGAT deb tariflashgan. 1989 yilda Litt va Lyute tomonidan "mikrosatellit" atamasi kiritilgan [2.5].

Mikrosatellit bittadan oltitagacha yoki undan ortiq nukleotidlar uzunligidagi DNK da ma'lim ketma-ketlikda takrorlovchi qismi hisoblanadi. Ular odatda 5-50 martagacha takrorlanadi. Ko'pchilik eukariotlar (ba'zi zamburg'lardan tashqari) mikrosatellitga ega. Mikrosatellitlar genom bo'ylab tarqalgan [5].

O'simlik genomi ko'p miqdorda mikrosatellitlarni o'z ichiga oladi. Ular xromosoma bo'ylab minglab lokuslarda tarqalgan va turlicha bo'ladi: dinukleotid (AC)_n, (AG)_n, (AT)_n; trinukleotid (TCT)_n, (TTG)_n; tetranukleotid (TATG)_n va h.

2006 yil 10 dekabr holatiga ko'ra Cotton Microsatellit Database da 5676 ta mikrosatellit markerlar to'plandi. Shundan 379 ta BNL, 392 ta CIR, 53 ta CM, 309 ta JESPR, 84 ta MGHEs, 1316 ta MUSS\MUCS, 1032 ta NAU, 192 ta STV va 750 tasi TMB mikrosatellit hisoblanadi [4.3].

Tadqiqotda foydalanilgan materiallar va asbob uskunalar:***STAB metodi yordamida genom DNK ajratish foydalanilgan kimyoviy reaktivlar:***

- Suyuq azot
- 2xCTAB
- 10xCTAB
- Xloroform : izoamil (24:1)
- CTAB Precipitation
- High Salt RNKazali (50ml/200mkl)
- Izopropanol
- 70% spirt
- TE bufferi

STAB metodi yordamida genom DNK ajratish kerakli asbob-uskunalar:

- Xovoncha yoki probirka (1500/2000 mkl) va stikchalar
- Pastavka (96 talik)
- Sentrifuga
- Muzlatgich
- 650 C Avtoblot va Vorteks
- Konsentrator
- Rezina qo'lgop konchiklar (100, 200 va 1000 mkl)

O'simlik to'qimalardan STAB metodi yordamida genom DNK ajratish:

1. Barg suyuq azotda muzlatilib gomogenizatsiya qilinadi.
2. 600 mkl 2xCTAB solinadi va 600 C AUTOBLOTga 20 minutga qo'yiladi (har 5 minutda aralashtiriladi).
3. Ustiga 600 mkl Xloroform : izoamil (24:1) solinib, 2 minut qattiq aralashtiriladi.
4. 5 minut/10 000 oborotda sentrifuga qilinadi va supernatantning yuqorisidan 600 mkl boshqa probirkaga olinadi.
5. Ustiga 60 mkl 10xCTAB solinib aralashtiriladi.
6. Ustiga 600 mkl Xloroform : izoamil (24:1) solinib, 2 minut qattiq aralashtiriladi.
7. 5 minut/10 000 oborotda sentrifuga qilinadi va supernatantning yuqorisidan 600 mkl boshqa probirkaga olinadi.
8. Ustiga 1:1 nisbatda CTAB Precipitation solionadi va 600 C AUTOBLOTga 30 minutga presipitatsiyaga qo'yiladi.
9. 3 minut/14 000 oborotda sentrifuga qilinadi va supernatant to'kiladi.
10. Cho'kma ustiga 300 mkl High Salt solinadi va 5 minut vorteks qilinib so'ng
11. 15 minut xona haroratida saqlanadi.

12. Ustiga 250 mkl Izopropanol solinadi va 2 minut sekin aralashtiriladi.
13. 15 minut/10 000 oborotda sentrifuga qilinadi va supernatant to'kiladi.
14. Cho'kma ustiga 600 mkl 70% li spitr solinib 5 minut aralashtiriladi.
15. 3 minut/14 000 oborotda sentrifuga qilinadi va spirt to'kiladi. (Cho'kma spirt bilan ikki marta yuviladi).
16. Cho'kma yani DNK konsentratorida quriladi 10-15 minut

PZR bosqichlari Asosiy bosqichlar

1. Denaturatsiya---- 96 °C

Denaturatsiya (96 °C): DNK zanjirlarini denaturatsiya qilish yoki ajratish uchun reaksiyaga yuqori harorat beriladi. Natijada keyingi bosqich uchun kerakli bir zanjirli andoza hosil bo'ladi.

2. Praymerlarni DNKning kerakli joyiga qo'shish----68 °

Yumshatish (55 – 65 °C): praymerlar andoza DNKdagi komplementar qismlariga bog'lanishi uchun reaksiyada harorat pasaytiriladi.

3. Elongatsiya----72 °

Uzaytirish (72°C): Taq polimeraza praymerlarni uzaytirib, yangi DNK zanjirlarini sintezlashi uchun reaksiyada harorat ko'tariladi.

1-jadval

PZR reaksiyasi(HOT-start dasturi) 10 mkl hajnda olib boorish tartibi

10 x PZR bufer (magniy xloridli)	1 mkl
BZA	0.2 mkl
dNTP aralashmasi 25 mM (dATP, dGTP, dTTP va dSTR)	0.1 mkl
To'g'ri yo'naltirilgan praymer	0.5 mkl
Teskari yo'naltirilgan praymer	0.5 mkl
Taq polimeraza -5 birl/mkl	0.3
Genom DNK si	1 mkl
Distillangan suv	6.5 mkl

Amplifikatsiya 45 sikldan va quyidagi harorat rejimlaridan iborat bo'lgan Hot-start dasturida amalga oshiriladi

2-jadval

Amplifikatsiya 45 siklda harorat rejimlari

Dastlabki denaturatsiya	90 °C	3 daqiqa
Denaturatsiya	94 °C	1 daqiqa
Praymerlarni eritish darajasi	± 50 °C	1 daqiqa
Elongatsiya	72 °C	2 daqiqa
Yakunlovchi elongatsiya	72 °C	5 daqiqa

DNKni tekshirish uchun Gel elektroforez

Kerakli reagentlar:	Kerakli asbob-uskunalar:
• Agaroza • 10xTBE • 0.5xTBE • BFK (Brom fenol ko'k) • Etidium Bromid	• 50 ml flakon • 500 ml kolba • Mikroto'lqinli pech • Elektroforez qurilmasi • Alpha Imager™ • Pepetman ko'p kanalli (10 µl) • Konchiklar (10 µl)

DNK fragmentlari katta bo'lganligi uchun 0.9 % li Agaroza gelida tekshiriladi. Kichikroq PZR mahsuloti yoki shu kabi kichik fragmentlar 1.5 % dan 3 % gacha Agarose for Routine yoki HighRes Agarose gelida tekshiriladi.

3-jadval

0.9 % Agaroza geli	200 ml
1. Agarosa for routine	1.8 gr
2. 0.5xTBE	200 ml
* Mikroto'lqinli pechda qaynatiladi	

Asosiy qism. G'o'za turlararo G.hirsutum L. turiga mansub aneuploid liniyalarining Pima 3-79 liniya bilan chatishtirilishidan olingan duragaylarni molekulyar- genetik taxlili. G'o'zada xromosomasi-almashtirilgan liniyalar yaratish birinchi marta AQShda amalga oshirildi, keyinchalik ularning qimmatli-xo'jalik belgilari o'rganildi. Xromosomasi-almashgan liniyalarda molekulyar-genetik tadqiqotlar o'tkazilgan shuningdek, ularning abiotik va biotik omillarga chidamligini o'rganilgan. Biroq, g'o'zaning G.hirsutum L., turiga mansub monosomik va monotelodisomik liniyalarining to'liq to'plamining yo'qligi sababli, alohida xromosomasi almashtirilgan liniyalarning barcha xromosomalar bo'yicha to'liq to'plamini olish mumkin emas. Bundan tashqari, bir nechta mualliflar tomonidan CS-B05sh, CS-B06, CS-B07, CS-B15sh xromosomasi almashtirilgan liniyalar uchun molekulyar-genetik isbotning mavjud emasligi, shuningdek, DNK zahiralardan biri Chr-17 bo'yicha gemozigot bo'lgan G.barbadense turiga mansub o'simlikda keyinchalik Chr-11 bo'yicha gemizigot bo'lib chiqqanligi, ushbu xromosomalar uchun CS-liniyalarini yaratish uchun yangi tadqiqotlar olib borilishi lozimligini ko'rsatadi. Shuning uchun g'o'zaning yangi monosomik va monotelodisomik liniyalari va yangi xromosomasi-almashtirilgan liniyalarni olish dolzarb va zarurdir.

O'zMUda g'ozaning *G.hirsutum* L. turiga mansub bo'lgan noyob stogenetik kolleksiya mavjud. Ushbu kolleksiya tarkibidagi monosomik va monotelodisomik liniyalarni Pima 3-79 (*G.barbadense* L.) liniyasini o'zaro chatishtirish orqali duragaylar olingan. F1 turlararo duragaylarni stogenetik tahlil natijasida monosomik va monotelodisomik duragaylar ajratib olindi va ushbu anauploid duragaylarda alohida xromosomasi almashgan. Almashgan xromosoma donor (Pima 3-79) dan kelgan va qaysi xromosomasi ko'chib o'tganligini aniqlash maqsadida SSR markerlar yordamida molekulyar tahlillar o'tkazilib kelinmoqda.

4-jadval

G'ozaning xromosomalariga xos bo'lgan SSR markerlar

№	Xromosoma	SSR markerlar	№	Xromosoma	SSR markerlar
1	1	BNL2921	55	14	Gh067
2		BNL3580	56		Gh051
3		BNL3888	57		JESPR243
4	2	CIR009	58	15	JESPR298
5		BNL1434	59		BNL2646
6		BNL1897	60		BNL3902
7	3	BNL3971	61	16	JESPR102
8		JESPR101	62		BNL1521
9		BNL3441	63		Gh002
10	4	CIR202	64	17	CIR413
11		BNL1379	65		Gh071
12		BNL3259	66		JESPR221
13	5	BNL2572	67	18	BNL2443
14		CIR122	68		BNL3955
15		BNL2821	69		JESPR153
16	6	CIR048	70	19	BNL3479
17		BNL3995	71		BNL2652
18		BNL3992	72		BNL3250
19	7	BNL542	73	20	BNL1671
20		Gh083	74		Gh182
21		BNL1064	75		CIR212
22	8	CIR203	76	21	BNL285
23		Gh039	77		BNL0169
24		Gh082	78		BNL0946
25	9	BNL1395	79	22	BNL2553
26		BNL1597	80		Gh119
27		BNL1531	81		BNL1551
28		BNL1604	82		BNL1705
29		BNL1017	83		BNL3171
30		BNL3792	84		CIR013
31		BNL387	85		Gh052
32		JESPR232	86		Gh200
33		BNL1162	87		JESPR230
34		BNL2590	88		JESPR235

35		BNL4028	89		TMB0120
36		Gh027	90		BNL448
37		BNL256	91		BNL1047
38	10	BNL2705	92		BNL3463
39		BNL2960	93		BNL0597
40		Gh058	94	23	BNL3383
41		BNL3442	95		JESPR151
42	11	JESPR-296	96		Gh247
43		BNL1034	97		BNL0252
44		Gh246	98	24	BNL1521
45		BNL3261	99		BNL1646
46	12	BNL3816	100		BNL2655
47		CIR293	101		Gh224
48		CIR362	102	25	CIR407
49		BNL1495	103		CIR413
50	13	Gh034	104		BNL3103
51		JESPR153	105		CIR391
52		BNL409	106	26	BNL3255
53		BNL3034	107		BNL3510
54	14	BNL1059	108		BNL3816

Monosomik yoki monotelodisomik F1 avlod duragaylari ichida polimorf SSR markerlar yordamida molekulyar tahlil olib borilib, 4 xromosomasi almashgan o'simliklar aniqlangan. Polimeraza zanjir reaksiyasi (PZR) oddiy, ammo oqilangan, fermentlar tahlili bo'lib, DNKning murakkab hovuzlaridan ma'lum bir DNK fragmentini kuchaytirishga imkon beradi. PZR tahlilini kashf etgan doktor Kari Mullis, bu "sizni qiziqtirgan DNK parchasini tanlash va xohlaganча unga ega bo'lish imkonini beradi".

G'o'zada xromosomasi-almashtirilgan liniyalari yaratish birinchi marta AQShda amalga oshirildi, keyinchalik ularning qimmatli-xo'jalik belgilari o'rganildi. Xromosomasi-almashgan liniyalarda molekulyar-genetik tadqiqotlar o'tkazilgan, shuningdek, ularning abiotik va biotik omillarga chidamligini o'rganilgan. Ammo, g'o'zaning *G.hirsutum* L. turiga mansub aneuploid liniyalarining to'liq to'plamining yo'qligi sababli, xromosomasi almashtirilgan liniyalarning barcha xromosomalar bo'yicha to'liq to'plamini olish mumkin emas. Shuning uchun g'o'zaning yangi aneuploid liniyalari va yangi xromosomasi-almashtirilgan liniyalarni olish dolzarb va zarurdir.

Xulosa. Shunday qilib, turlararo uchta chatishtirish kombinatsiyasidagi fakatgina ikkitasida kombinatsiyasida molekulyar-genetik tahlil SSR markerlar yordamida monosomik o'simliklar aniqlandi va F1 (Mo79×Pima 3-79) chatishtirish olingan duragaylar ichidan monosomik o'simliklar aniqlanmadi va ushbu kombinatsiya chatishtirish ishlarini kayta amalga oshiriladi.

Mustaqillik yillarida respublikamiz olimlari tomonidan g'ozaning *G.hirsutum* L. turiga mansub yangi aneuploid liniyalar Sitogenetik kolleksiyasi yaratildi, monosomik liniyalar yordamida genlar lokalizatsiyalash va ularni identifikatsiyalash hamda yangi xromosomasi-almashgan shakllardan xromosomada molekulyar markerlarning joylashuvini aniqlash hisobiga muayyan natijalarga erishildi.

Foydanilgan adabiyotlar ro'yxati:

- 1.Blenda A., Scheffler B., Palmer M and Lacape J.M. Cotton Microsatellite Database resource for *Gossypium* genomics. \BMC Genomics 2006.V.7.
- 2.Bryan G.J.,Collins A.J.,Stephenson P.,Orry A.,Smith J.B and Gale M.D. Isolation and characterization of microsatellites from hexaploid bread wheat.//Theor.Appl.Genet. 1997.94:557-556
- 3.Hoffman, S.M.; Yu, J.Z.; Grum, D.S.; Xiao, J.; Kohel, R.J.; Pepper, A.E. Identification of 700 new microsatellite loci from cotton (*G.hirsutum* L.). J.// Cotton Sci. 2007, 11, 208–241.
- 4.Anna Blenda., David D Fang., Jean-Francois Rami., Olivier Garsmeur ., Feng Luo., Jan-Mark Lacape., A Higt Density Consensus Genetic Map of Tetraploid Cotton That Integrates Multiple Component Maps through Molecular Marker Redundancy Check.: \BMC Genomics Apr.2012. –V.7.№9. –P 39-45.
- 5.Awasthi A., Raja K., Reddy, Saha S., Jenkins J.N., Stelly D.M. Morph-physiological responses of cotton interspecific chromosome substitution lines to low temperature and drought stresses //Euphytica. 2018. V. 214. - P.218.