

рилганда колеоптиле узунлиги 0,41-3,61 см гача бўлганлиги кузатилиб, сахароза эритмасида энг юқори кўрсаткич KR20-20thHTSBWYT-41 намунасида 0,91 см, KR20-20thESBWYT-12 намунасида 0,67 см, KR19-19thDSBWYT-29979 намунасида 0,63 см ни ташкил этган бўлса, энг паст кўрсаткич KR20-20thHTSBWYT-38 намунасида 0,14 см ни ташкил этди. Сўнгги йилларда кузатилаётган глобал иқлим ўзгаришлари ҳаво ҳароратининг ошиши, ёз ойларида нисбий намликнинг кескин пасайишидан вужудга келадиган иссиқ шамоллар атмосфера ва тупроқ қурғоқчилигини келтириб чиқармоқда. Сув

муаммоси жиддий бўлган ҳозирги даврда сувдан самарали фойдаланиш ва тежамкор агротехнологияларни жорий қилиш, шунингдек қурғоқчиликка чидамлилиги юқори бўлган ғалла навларини етиштириш ўта муҳимдир.

Хулоса шуки, қурғоқчилик шароитида 25 та нав тизмалар орасидан уруғларни сахароза эритмасида ундирилганда 2 та тизма кучли чидамли, 1 та тизма ўртача чидамли, 1 та тизмаси ўртача кучсиз чидамли деб баҳоланди. Ушбу тизмалар селекциянинг кейинги босқичларига ўтказиш учун селекционерларга тавсиялар берилди.

АДАБИЁТЛАР:

1. Генкель П.А. Физиология растения. // Москва Просвещение, 1975 г –101 С
2. Мавлонов Ж.С., Қаршибоев Ҳ.Х. Қаттиқ буғдой нав ва тизмаларнинг қурғоқчиликка чидамлилигини лаборатория шароитида баҳолаш // Профессор Атабаева Халима Назаровна таваллуд қунининг 85 йиллигига ва илмий-педагогик фаолиятининг 67 йиллигига бағишланган "Қишлоқ хўжалиги экинларини етиштиришда долзарб масалалар ва уни ривожлантириш истиқболлари" мавзусидаги халқаро илмий-амалий конференцияси материаллари тўплами. Тошкент-2020. 1-қисм. –Б.165-168.
3. Hamayun M., Khan S.A., Khan A.L., Shinwari Z.K., Iqbal I., Sohn E-Y., Khan M.A., Lee I-J. Effect of salt stress on growth attributes and endogenous growth hormones of soybean cultivar Hwang keumkong. Pakistan Journal of Botany, 2010. №42(5). –P. 103-112).
4. Rane J., Pannu R. K., Sohu V. S., Saini R. S., Mishra B., Shoran J., Crossa M., Vargas J. and Joshi A. K. Performance of yield and stability of advanced wheat genotypes under heat stressed environments of Indo-Gangetic plains. Crop Sci. 47: 2007. –PP. 1561-1573.
5. Reynolds M. P., Ortiz-Monasterio J. I and McNab A. Application of physiology in wheat breeding, (ed) CIMMYT, El Batan, Mexico. (Chapter 10), 2001. –PP. 124.
6. Heffner E. L. et al. Genomic selection accuracy for grain quality traits in biparental wheat populations //Crop Science. – 2011. – Т. 51. – №. 6. – P. 2597-2606.
7. Бекназаров Н.Б. "Лалмикор ерларнинг қир адирлик ва тоғли минтақаларига мос юқори сифатли, ҳосилдор, касаллик ва экстремал шароитларга чидамли андоза навга нисбатан 10-15 % юқори ҳосил берадиган юмшоқ буғдой навларини яратиш ва ДНС га топшириш" мавзуси бўйича илмий-тадқиқот ишлари юзасидан 1999 йилги ҳисоботи. –Фаллаорол, 1999. –Б. 75-81.

УЎТ: 581.2: 582.28: 632.4: 616.992: 576.882.8

ТАДҚИҚОТ

FUSARIUM ТУРКУМИ ТУРЛАРИНИ АНИҚЛАШ

Хайтбаева Нодира Сейтжановна, докторант,
Ҳасанов Ботир Ачилович, бф.д., профессор,
ТошДАУ.

Аннотация. Род *Fusarium* является проблемным и имеет большое значение в сельскохозяйственной фитопатологии, токсикологии и медицине, поэтому необходимо наличие надёжных методов идентификации его видов. В настоящее время доминирующим методом является молекулярно-филогенетический метод; обсуждается его современное состояние в мире.

Ключевые слова: *Fusarium*, род, вид, идентификация, «комплексы видов», секвенсы генов.

Abstract. *Fusarium* is a problem genus having a huge importance in plant pathology, mycotoxicology and medicine. This necessitates an availability of reliable methods for identification of its species. Currently the molecular-phylogenetic method dominates. This paper reviews the current status of this method in the world.

Key words: *Fusarium*, genus, species, identification, "species complexes", gene sequencing.

Кириш. *Fusarium* туркуми таркибига табиатда кенг тарқалган, иқтисодий жиҳатдан муҳим бўлган кўп фитопатоген турлар киради. Улар озиқ-овқат, инсонлар, қишлоқ хўжалик моллари ва бошқа ҳайвонлар учун катта хавф туғдирувчи трихотеценлар, зеараленонлар, фумонизинлар ва эниатинлар номли микотоксинларни синтез қилади (Leslie, Summerell, 2006; Гагкаева и др., 2011). *Fusarium* туркумининг битта ёки бир неча тури билан амалда иқтисодий жиҳатдан муҳим қ.-х. экинларининг ҳар бири зарарланади.

Бундан ҳам жиддийроқ томони – *Fusarium* туркуми турлари, жумладан фитопатоген турлари ҳам, инсонларнинг кўзлари ва бошқа аъзоларини зарарлайди, кейин бутун танага системали тарқалиши, кучли нейтропения (қонда нейтрофил лейкоцитларнинг сони камайиши) кўзгатиши мумкин. Кейинги ҳол беморларнинг 100% нобуд бўлишига олиб келади (Balajee et al., 2009; O'Donnell et al., 2010; Salah et al., 2015).

Касалликни кўзгатувчи турни тўғри аниқлаш ўсимликлар ва инсонларнинг фузариозларига қарши курашнинг асосий

шартидир (O'Donnell et al., 2010) (мақоланинг бу ва бошқа жойларида келтирилган маълумотлар бўйича адабиёт манбаларининг тўла рўйхати билан танишиш учун муаллифларнинг олдинги мақоласига қаранг – Хасанов и др., 2020).

Fusarium туркумининг таксономияси. Ушбу туркум таксономиясининг асослари илмий адабиётларда муҳокама қилинган (Хасанов, 2017). Туркум тан олинган турларининг сони ҳар хил вақтларда турлича бўлган (1-жадвалга қаранг). 1900 йилларда ҳар бир экиндан ажратилган изолятни мустақил тур деб ҳисоблашган, бу эса уларнинг сони асоссиз равишда 1000 тадан ҳам ошиб кетишига сабаб бўлган. Бундай чалкашлик немис олимлари Волленвебер ва Рейнкинг (Wollenweber, Reinking, 1935) томонидан монография чоп этилишигача давом этган. *Fusarium* туркуми таркибида тан олган турларнинг сони ҳар хил бўлса ҳам, ҳар хил мамлакатларнинг олимлари кейинчалик тузган барча таксономик системалар учун Волленвебер ва Рейнкинг системаси асос бўлган (1-жадвал).

1-жадвал.

Fusarium туркуми морфологик таксономияси ривожланишининг тарихи

Классификацион системаларнинг муаллифлари	Турлар сони
Wollenweber, Reinking, 1935; Германия	65
Snyder, Hansen, 1940-йй., 1954; АҚШ	9
Райлло, 1950; собиқ СССР – Россия	55
Gordon, 1952; Канада	26
Билай, 1955; собиқ СССР – Украина	26
Билай, 1977; собиқ СССР – Украина	31
Messiaen, Cassini, 1968; Франция	9
Booth, 1971; Англия	44
Matuo, 1972; Япония	10
Joffe, 1974; собиқ СССР – Россия, Исроил	33
Gerlach, Nirenberg, 1982; Германия	78
Nelson, Toussoun, Marasas, 1983; АҚША, ЖАР	30
Leslie, Summerell, 2006; АҚШ, Австралия	70

1980 йилларда немис (Gerlach, Nirenberg, 1982) ва АҚШ (Nelson et al., 1983) микологлари турнинг морфологик концепциясини ишлаб чиқишгач, *Fusarium* туркумининг таксономияси анча барқарорлашди. Ушбу концепцияни дунёдаги барча олимлар тан олди ва у амалиётда ҳозиргача муваффақият билан қўлланилмоқда. Кейинроқ ишлаб чиқилган биологик (Leslie, 2001) ва филогенетик (Nirenberg, O'Donnell, 1998) концепцияларнинг усулларини қўллаш орқали *Fusarium* туркуми мавжуд турларининг аксарияти мустақил тур эмас, балки бир қанча турдан ташкил топган турлар комплекслари эканлиги аниқланди.

Бу ерда плеоморф замбуруғларнинг айна бир турига (масалан, аскомицетларнинг телеоморфа ва анаморфа босқичларига) иккита ном бериш амалиётини бекор қилган бир замбуруғ – бир тур концепцияси ҳақида айтиб ўтиш лозим. Ушбу концепция сувўтлари, замбуруғлар ва ўсимликлар номенклатурасининг Халқаро Кодекси томонидан расмий қабул қилинди (ICN, 2018). Ҳозир фақат *Fusarium* туркум номи валид ҳисобланади ва у телеоморфа номларидан устун туради (O'Donnell et al., 2015).

Fusarium туркуми турларини аниқлаш бўйича концепциялар. Турнинг морфологик концепцияси морфологик белгиларга (споралар ўлчами, шакли, сеталарининг сони

ва ҳ.) асосланган. Биологик концепцияга биноан *Fusarium* туркуми битта гетероталлик турининг ҳар хил жинсга мансуб изолятлари чатиштирилганида улар бир-бирига мос келиши, яшовчан ва фертил насл бериши лозим. Филогенетик концепция (одатда битта ёки бир неча “консервация қилинган” [барқарор, ўзгармайдиган] генларнинг ДНК асосларининг сиквенсларини (кетма-кетликларини) аниқлашни ва олинган натижаларни кладистика бўйича таҳлил қилиб, филогенетик схемаларни шакллантиришни, яъни битта ягона кладга мансуб бўлган изолятлар гуруҳларини аниқлашни кўзда тутати; ушбу схеманинг муайян бўғинида изолятлар айна бир турга мансуб, деб ҳисобланади (Leslie, Summerell, 2006 ва б.). Бу концепцияларнинг ҳар бирининг афзалликлари ва камчиликлари мавжуд ва биз қуйида уларни кўриб чиқамиз.

Морфологик концепция. Афзалликлари: Микроскопик замбуруғлар, жумладан *Fusarium* туркуми турларининг морфологик белгиларини ўрганишга асосланган микологиянинг классик усуллари кенг оммага маълум ва замбуруғ турларини аниқлаш учун деярли 200 йил давомида муваффақият билан қўлланилиб келинмоқда. Камчиликлари: *Fusarium* туркуми турларини бир-биридан ажратишда ишлатиш мумкин бўлган белгиларнинг сони ажратиш керак бўлган турлар сонидан жуда кам, натижада, кўп турларни ушбу белгилар ёрдамида аниқлаш мумкин бўлмайди.

Биологик концепция. Афзалликлари: •Номаълум турнинг изолятларини муайян *Fusarium* турларининг тестер изолятлари билан чатиштириш орқали турлар комплекси таркибида мустақил турларни аниқлашга имкон яратилади; масалан, ушбу усул ёрдамида собиқ «*F. moniliforme*» тури таркибида янги *F. verticillioides* ва *F. thapsinum* турлари аниқланган. •Одатда биологик ва филогенетик таҳлилларнинг натижалари бир-бирига мос келади. Камчиликлари: •*Fusarium* туркумининг кўп изолятлари ва турларининг жинсий босқичи йўқ, шу сабабдан улар билан ишлаганда ушбу концепция усулларини қўллаш мумкин бўлмайди. •Ундан ташқари, туркумининг ҳатто жинсий босқичлари маълум бўлган кўп турлари табиатда (ёки ҳатто лабораторияда) чатиштириш натижасида фертил насл бермайди (перитецийларни ҳосил қилмайди, ёки жуда қийинчилик билан ҳосил қилади). •Баъзи ҳолларда (масалан, гомоталлик турлар билан ўтказилган тадқиқотларда) биологик ва филогенетик таҳлилларнинг натижалари бир-бирини тасдиқламайди.

Филогенетик концепция. Афзалликлари: •Бу концепциянинг усуллари микологияда “революцион” ҳисобланади ва кўп таксономик қийинчиликларни енгишга имкон яратади. Ҳар хил маркерлар, кўпинча танлаб олинган генлар сиквенсларидаги фарқларни аниқлаш ёрдамида ҳар хил замбуруғлар, жумладан, *Fusarium* туркуми турларининг изолятлари орасидаги генетик қариндошликни аниқлаш мумкин. Камчиликлари: •Ҳар бир филогенетик таҳлил учун *Fusarium* турларининг жуда кўп сонли изолятларини олиш талаб этилади, чунки тур ичи ўзгарувчанлиги кучли эканлиги туфайли уларнинг кам сони репрезентатив бўла олмайди. •Филогенетик усулларни нотўғри қўллаш ёки тадқиқот натижаларини нотўғри интерпретация қилиш чалкашликка олиб келиши мумкин. Кўп ҳолларда тур белгиларининг чегараларини аниқлаш, “Штаммларни мустақил тур, деб ҳисоблаш учун улар бир-биридан қанчалик фарқ қилиши керак?”, деган саволга жавоб бериш қийинчилик туғдиради. Бунинг натижасида айрим тадқиқотчилар айна бир тур изолятларининг бир гуруҳини асоссиз равишда мустақил тур, деб эълон қилишади. Шу сабабдан филогенетик таҳлил ҳар доим морфологик таҳлил билан бирга ўтказилиши талаб

этилади. •Бир қатор маълумотлар базаларида сақланаётган сиквенслар нотўғри аниқланган. •Айрим генлардан, жумладан Замбуруғлар дунёси учун расмий баркод-локус сифатида тан-лаб олинган ядро рДНК сининг ITS области, рДНК катта субъ-единицаси ва β-тубулиндан фойдаланиш мумкинлиги, ҳар хил сабабларга кўра, чегараланган эканлиги маълум бўлган, ва уларни *Fusarium* туркуми турларини идентификация қилиш учун алоҳида қўллашни тавсия қилишмайди (O'Donnell et al., 2013). •ДНК нинг ПЦР-амплификацияси ҳам фаол, ҳам нофаол ва ўлик ҳужайралар ёки споралардан амалга ошиши туфайли ампликонлар ифлосланиши ПЦР сохта позитив на-тижаларни, экстракт намуналарида ингибитор компонентлар бўлиши эса – сохта негатив натижаларни кўрсатишига олиб келиши ҳоллари учраган. •ДНК-баркодинг каби методлар *Fusarium* туркумининг айна бир (масалан, *F. oxysporum* ёки *F. solani*) турининг патоген ва нопатоген изолятларини дифференциация қила олмайди. Бундай ҳолларда уларни ажратишнинг ягона йўли ушбу изолятлар билан ҳужайрини ўсимликни сунъий зарарлашдир.

Fusarium туркумининг филогенетик турлари ва турлар комплекслари (ФТК лар). Учта энг таниқли классификацион системаларда (Gerlach, Nirenberg, 1982; Nelson et al., 1983; Leslie, Summerell, 2006) *Fusarium* туркуми монофилетик эмас. Генетик ва молекуляр усуллар амалиётда жадал қўллана бошлаши ва морфологик усуллар такомиллашиши билан ушбу туркум таркибида жуда кўп янги турлар кашф этила бошланди. Кейинги ~25 йил давомида ўтказилган молеку-ляр-филогенетик тадқиқотлар ушбу туркумини монофилетик ҳолга келтирди ва ҳозир унинг таркибидаги кладлар (ёки “турлар комплекслари”) сони 20 тага, мустақил филогенетик турлар сони камида 300 тага (+ 9 та монофилетик линиялар) етди (O'Donnell et al., 2015). Олдин барпо этилган иккитаси билан бирга ФТК лар сони ҳозир 22 тани ташкил қилмоқда (2-жадвал).

Ушбу филогенетик турларни ажратишда қўлланилган асосий усул – филогенетик турларни уларнинг генеалогик мослигини ўрганиш орқали аниқлаш (GCPSR – genealogical concordance phylogenetic species recognition) усулидир. Аммо ушбу 300 та филогенетик турларнинг аксариятига ҳали рас-мий ном (тур эпитети) берилмаган ва уларнинг морфологик белгилари ўрганилмаган (O'Donnell et al., 2015).

Кейинги 25 йил давомида *Fusarium* туркумининг янги филогенетик турлари кашф этилиши (ва бу жараён ҳозир ҳам давом этиши) асосан тўртта, ҳар хил ва комплементар (бир-бирини тўлдирувчи), технологик ва назарий жиҳатдан илғор усулларни қўллаш орқали амалга оширилди. Булар: а) 1990-йилларда ПЦР ва ДНК ни автоматлаштирилган сиквен-слаш усулларини бирга қўллаш; б) *Fusarium* туркуми таркиби-даги турларни аниқлаш учун GCPSR асосли тадқиқотларни “олтин стандарт” сифатида қабул қилиш; в) коллекцияларда (масалан, CBS, FRC ва NRRL да) сақланаётган изолят-ларнинг катта миқдори (~40 минг) мавжудлиги ва уларни тадқиқотчилар қўллай олиши; г) глобал миқёсда ва серунум ҳамкорлик қилаётган фитопатологик жамоалар мавжудлиги-дир (O'Donnell et al., 2015).

Олимларнинг ҳисоб-китобларига кўра ҳозиргача баён этилган замбуруғ турларининг сони табиатда мавжуд бўлган турларнинг фақат 1/10 ёки ҳатто 1/50 қисмини ташкил қилар экан. Хусусан, ҳозиргача *Fusarium* туркумининг турлари фақат иқтисодий жиҳатдан муҳим бўлган қ.-х. экинларидан, яъни юксак ўсимликларнинг 1% дан кам бўлган қисмидан ажратилган, холос.

Илмий прогнозларга кўра дунёда биохилма -хиллик ва янги экосистемаларни ўрганиш бўйича ўтказилаётган тадқиқотлар ҳамда молекуляр усулларни такомиллаштириш, айниқса кей-инги авлод сиквенслаш (NGS – next-generation sequencing) технологиясини қўллаш ҳамда «яширин турлар» нинг иден-тификациясини охирига етказиш *Fusarium* туркуми таркибида янги турлар барпо этилишига ва ушбу туркум турларининг сони янада кўпайиб кетишига олиб келиши муқаррар (Boers et al., 2012; O'Donnell et al., 2015). Биз тўплаган маълумотлар кўрсатишича туркум таркибидаги турлар сони ҳозир ҳам 300 тадан ортқ (2-жадвалга қаранг).

2-жадвал.

Fusarium туркуми турларининг комплекслари

Fusarium туркуми турлари комплекслари (ФТК лар)	Турларнинг тахминий сони
<i>F. albidum</i> species complex	2
<i>F. babinda</i> species complex	2
<i>F. bucharicum</i> species complex	8
<i>F. burgessii</i> species complex	3
<i>F. buxicola</i> species complex	2
<i>F. chlamydosporum</i> species complex	5
<i>F. concolor</i> species complex	4
<i>F. decemcellularum</i> species complex	10
<i>F. dimerum</i> species complex	12
<i>F. fujikuroi</i> species complex (FFSC), синоними <i>Gibberella fujikuroi</i> species complex (GFSC)	50
<i>F. graminearum</i> species complex (FGSC)	20
<i>F. heterosporum</i> species complex	5
<i>F. incarnatum</i> / <i>equiseti</i> species complex (FIESC)	40
<i>F. lateritium</i> species complex	11
<i>F. nisikadoi</i> species complex	5
<i>F. oxysporum</i> species complex (FOSC)	5
<i>F. redolens</i> species complex	2
<i>F. sambucinum</i> species complex (FSAMSC ёки FSASC)	50
<i>F. solani</i> species complex (FSSC)	60
<i>F. staphylae</i> species complex	2
<i>F. tricinctum</i> species complex	20
<i>F. ventricosum</i> species complex	3
Жами	321

Fusarium туркуми турларини сиквенслаш асосда аниқлаш (O'Donnell et al., 2013, 2015). Филогенетик турларни “таниш” учун лозим бўлган муҳим критерийларга фақат учта маркер локуслар мансуб. Бу критерийлар: 1) *Fusarium* туркумининг бутун филогенетик кенлиги бўйича қўллаш мумкинлиги; 2) тур даражасида маълумот бера олиши имкони мавжудлиги; 3) бутун туркумдаги ортологияларни аниқлай олишидир. Ушбу маркерлар – трансляция элонгациясининг 1-α фактори (*TEF1*), ДНКга-боғлиқ РНК-полимераза II нинг катта (*RPB1*) ва иккинчи катта суббирликлари (*RPB2*).

RPB1 ва *RPB2* ни қўллашнинг *TEF1* га нисбатан анча афзалликлари бор (O'Donnell et al., 2013). ФТК таркибидаги номаълум линияни аниқлаш учун ушбу локуслардан фақат бирини сиквенслаш етарли.

Fusarium туркумининг молекуляр филогенетикаси-ни ўрганишда қўлланилган биринчи оқсил-кодловчи ген

β -тубулин бўлган, аммо *F. solani*, *F. incarnatum-equiseti* ва *F. chlamydosporum* ФТК лари ичида дивергент паралогллар мавжудлиги туфайли уни қўллаш имкони чекланган.

Ядро рДНК сининг ITS области Замбуруғлар дунёси учун расмий баркод-локус (локуснинг штрих-коди) сифатида танланган (Schoch et al., 2012; Inderbitzin et al., 2020), аммо тур даражасида ноинформатив эканлиги туфайли уни *Fusarium* ва бошқа замбуруғ турларини аниқлаш учун қўллаш имконияти чекланган. Яқинда барпо этилган *F. graminearum*, *F. oxysporum*, *F. fujikuroi* ва *F. buharicum* комплексларининг кўп турлари ITS2 rDNA нинг деярли идентик аллелларига эга. Ундан ташқари, олтига яқин қариндош ФТК ларнинг ҳар бир тадқиқ қилинган штамми ичида юқори даражада дивергент бўлган паралогллар ёки ксенологов мвжудлиги *Fusarium* турларини идентификация қилиш учун ITS rDNA ни қўллашни янада қийинлаштиради. АҚШ олимлари томонидан муайян генларни сиквенслашда олинган натижалар ҳақида учта маълумотлар базасидан бирортасига BLASTn-сўровлар юбориш ҳамда базадан келган жавоблар билан ишлаш бўйича батафсил инструкция ишлаб чиқилган ва ушбу базаларнинг манзиллари келтирилган (O'Donnell et al., 2015).

Генбанкка сўров беришни режалаштирган тадқиқотчиларга *TEF1*, *RPB1* ва ёки *RPB2* ларнинг сиквенсларини қўллашни, ITS ёки LSU rDNA нинг сиквенсларини қўлламасликни тавсия қилишган. Бунинг сабаби шундаки, NCBI базасида *Fusarium* турлари бўйича ушбу локусларнинг 50% ёки ундан ҳам кўпроқ сиквенслари адаштириб юборилган. Ундан ташқари, ITS+LSU rDNA ларнинг сиквенслари *Fusarium* турлари чегараларини фарқлай олмайди.

Олимлар *Fusarium* туркуми турларини “тур” ёки “турлар комплекси” даражасигача тўғри аниқлашнинг статистик эҳтимолини ошириш учун 10 босқичдан иборат тавсия ишлаб чиқишган ва уларни мисоллар келтириб, батафсил муҳокама қилишган. Ушбу тавсияни қуйида келтирамыз.

Сикваенсларнинг хроматограммаларини тўла ва диққат

билан тўғрилган.

TEF1, *RPB1* ва ёки *RPB2* ларни қўлланг, ITS+LSU rDNA ларни ишлатманг

Генбанкка сўров беришдан олдин, *Fusarium* MLST ёки FUSARIUM-ID га сўров беринг.

BLASTn қаторларида бўш қолган жойлардаги хроматограммаларни қайтадан текширинг.

BLASTn даги «топ-хитлар» билан ассоциацияда бўлган тур номларини пухта текширинг.

ДНК сиквенсларини, иложи борича, иккита алоҳида локусдан олинг.

Ўхшашлик фоизи бир турга мансублигини кўрсатган ҳолларда, маълумотларингизни GCPSR усулини қўллаб олинган тадқиқотларнинг чоп этилган натижалари билан таққосланг.

Айрим кладларда қўлланиладиган гаплотипларнинг вақтинчалик номенклатурасини билиб олинг.

Штаммлар ҳақида культура коллекцияларидан (CBS-KNAW, FRC и NRLL) маълумотнома олинг.

Кўп ҳолларда яхши журналлар нотўғри аниқлаш ҳолатларини аниқлашади ва тўғрилашади.

Fusarium туркуми турларининг, айниқса яқинда кашф этилган кладлардаги энг муҳим фитопатоген турларнинг ўзгарувчанлик чегаралари ва улар ораларидаги эволюцион муносабатлар тўла ҳал этилмаган. Бутун *Fusarium* туркумининг геноми бўйича янги маълумотларни яратишнинг асосий мақсадларидан бири, янги, филогенетика учун информатив локусларни топиш ва кейинги авлод сиквенслаш (NGS) технологиясини қўллаш орқали, тур даражасидаги тадқиқотларни ўтказишдир. Тадқиқотчиларнинг мақсади яқин келажақда *Fusarium* туркуми турлари идентификацияси бўйича ишларни давом эттириш, ишончли молекуляр диагностик ва филогенетик маълумотларни олиш учун *TEF1*, *RPB1* ва *RPB2* каби информатив бўлган янги генларни аниқлашдир (O'Donnell et al., 2015).

АДАБИЁТЛАР:

1. Билай В. И. Фузари. Киев: «Наукова думка», 1955, 320 с.
2. Билай В. И. Фузари. Изд. 2-е. Киев: «Наукова думка», 1977, 443 с.
3. Гагкаева Т.Ю., Гаврилова О.П., Левитин М.М., Новожилов К.В. Фузариоз зерновых культур. Приложение к журналу «Защита и карантин растений», 2011, № 5, с. 70-120.
4. Райлло А.И. Грибы рода *Fusarium*. М.: «Госиздат. с.-х. л.», 1950, 456 с.
5. Хасанов Б.А. Фузариозный вилт хлопчатника и современные методы идентификации грибов рода *Fusarium*. Монография. Изд. «Тахририят-Нашриёт» ТашГАУ, Ташкент, 2017, 136 с. с ил.
6. Хасанов Б.А., Шеримбетов А.Г. Таксономия рода *Fusarium* и современные методы идентификации его видов (обзор). Узбекский биологический журнал, 2020, 12 стр. (в печати).
7. Balajee S.A., Borman A.M., Brandt M.E. et al. (16 authors total). Sequence-based identification of *Aspergillus*, *Fusarium*, and *Mucorales* species in the clinical mycology laboratory: Where are we and where should we go from here? *J. of Clinical Microbiology and Infection*, 2009, vol. 47, No. 4, pp. 877-884. doi:10.1128/JCM.01685-08.
8. Boers S.A., van der Reijden W.A., Jansen R. High-throughput multilocus sequence typing: bringing molecular typing to the next level. *PLoS ONE*, 2012, vol. 7, No. 7: e39630. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0039630>.
9. Gerlach W., Nirenberg H.I. 1982. The genus *Fusarium* – a pictorial atlas. *Mitt. Biol. Bundes. Land-Forst.* (Berlin – Dahlem) 209, pp. 1-406.
10. Gordon W.L. The occurrence of *Fusarium* species in Canada. II. Prevalence and taxonomy of *Fusarium* species in cereal seed. *Can. J. Bot.*, 1952, vol. 30, No. 2, pp. 209-251.
11. ICN, 2018 – International Code of Nomenclature for algae, fungi, and plants (ICNafp, 2018). <https://www.iapt-taxon.org/nomen/main.php> Accessed 28.12.2019.
12. Inderbitzin P., Robertse B., Schoch C.L. Species identification in plant-associated prokaryotes and fungi using DNA. *Review. Phytobiomes Journal*, 2020, vol. 4, No. 2, pp. 103-114.
13. Joffe A.Z. 1974. A modern system of *Fusarium* taxonomy. *Mycopathol. Mycol. Appl.*, 1974, vol. 53, pp. 201-228.
14. Leslie J.F., Summerell B.A. The *Fusarium* Laboratory Manual. Ames, Iowa, USA, Blackwell Publishing, 2006, xii + 388 pp.

15. Matuo T. 1972. Taxonomic studies of phytopathogenic Fusaria in Japan. Rev. Plant Protection Res., 1972, vol. 5, pp. 34-45 (цит. по Leslie, Summerell, 2006).
16. Messiaen C.M., Cassini R. Recherches sur la fusarioses. IV. La systématique des Fusarium. Annals Epiphyt., 1968, vol. 19, pp. 387-454 (цит. по Leslie, Summerell, 2006).
17. Nelson P.E., Tousson T.A., Marasas W.F.O. Fusarium species: An illustrated manual for identification. University Park, Pennsylvania, USA: The Pennsylvania State University Park, 1983, 193 pp.
18. Nirenberg H.I., O'Donnell K. New Fusarium species and combinations within the Gibberella fujikuroi species complex. Mycologia, 1998, vol. 90, No. 3, pp. 434-458.
19. O'Donnell K., Rooney A.P., Proctor R.H., Brown D.W., McCormick S.P., Ward T.J., et al. Phylogenetic analyses of RPB1 and RPB2 support a middle Cretaceous origin for a clade comprising all agriculturally and medically important Fusaria. Fungal Genetics and Biology, 2013, vol. 52, No. 1, pp. 20-31.
20. O'Donnell K., Sutton D.A., Rinaldi M. G., Sarver B. A.J., Balajee S.A., Schroers H.-J., Summerbell R.C., Robert V.A.R.G., Crous P.W., Zhang N., Aoki T., Jung K., Park J., Lee Y.-H., Kang S., Park B., Geiser D.M. Internet-accessible DNA sequence database for identifying Fusaria from human and animal infections. Journal of Clinical Microbiology, 2010, vol. 48, pp. 3708-3718. doi:10.1128/JCM.00989-10.
21. O'Donnell K., Ward T.J., Robert V.A.R.G., Crous P.W., Geiser D.M., Kang S. DNA sequence-based identification of Fusarium: current status and future directions. Phytoparasitica, 2015, vol. 43, No. 3, pp. 583-595. DOI 10.1007/s12600-015-0484-z.
22. Salah H., Al-Hatmi A.M.S., Theelen B., Abukumar M., Hashim S., van Diepeningen A.D., Lass-Flörl C., Boekhout T., Almaslamani M., Taj-Aldeen S.J. Phylogenetic diversity of human pathogenic Fusarium and emergence of uncommon virulent species. Journal of Infection, 2015, vol. xx, pp. 1-9. <http://dx.doi.org/10.1016/j.jinf.2015.08.011>
23. Schoch C. L., Seifert K. A., Huhndorf S., Robert V., Spouge J. L., Levesque C. A., Chen W. et al. (31 authors in total). Nuclear ribosomal internal transcribed spacer (ITS) region as a universal DNA barcode marker for Fungi. Proceedings of the National Academy of Sciences USA, 2012, vol. 109, pp. 6241-6246.
24. Snyder W.C., Hansen H.N. The species concept in Fusarium. American Journal of Botany 1940, vol. 27, pp. 64-67.
25. Snyder W.C., Hansen H.N. Variation and speciation in the genus Fusarium. Annals of the New York Academy of Sciences, 1954, vol. 60, No. 1, pp. 16-23.
26. Wollenweber H.W., Reinking O.A. 1935. Die Fusarien, ihre Beschreibung, Schädwirkung und Bekämpfung. Verlag Paul Parey, Berlin, Germany: 355 pp.

УЎТ: 631.51; 631.55

ТАДҚИҚОТ НАТИЖАЛАРИ

ЛАЛМИКОР МАЙДОНЛАРДА ЕТИШТИРИЛГАН ЕМ-ХАШАК ЭКИНЛАРИНИНГ ХЎЖАЛИК БЕЛГИ ХУСУСИЯТИ

Аманов Ойбек Анварович, қ.х.ф.д., к.и.х.
Жўраев Диёр Турдикулович, қ.х.ф.ф.д. к.и.х.,
Шоймурадов Абдор, қ.х.ф.ф.д.,
 Жанубий дехқончилик илмий-тадқиқот институти.

***Аннотация.** В условиях глобального изменения климата эффективное использование богарных земель приведет к производству питательных и кормовых сельскохозяйственных продуктов. Продовольственная и сельскохозяйственная организация Объединенных Наций (ФАО) организовала серию выставок в рамках проекта «Комплексное управление природными ресурсами в засушливых и засоленных сельскохозяйственных ландшафтах Центральной Азии и Турции». Посадка засухоустойчивых культур в почву различными способами на выставочном поле была изучена для получения с их помощью высоких и качественных урожаев.*

Чорва молларининг тўйимли озиқага бўлган талаби табиий яйловлардан, пичанзорлардан ва махсус экилган ем-хашак экинлардан тайёрланган озуқалар билан қондирилади. Ем-хашак экинларини таркибида ҳайвонлар учун зарур бўлган витаминлар, оксиллар, мой, минерал тузлар мавжуд бўлиб улар хушбўй, осон ҳазм бўлади[1].

Бугунги кунда республикаимизнинг барча лалмикор майдонларида бошоқли дон, дуккакли дон, ем-хашак ва мойли экинлардан юқори ва сифатли ҳосил етиштириш шу ҳудудда

яшовчи аҳолининг нон ва ун маҳсулотларига, оксилга бой дуккакли дон ва сифатли мойга бўлган талабини қондириш, чорва молларини тўйимли озуқа билан таъминлашга хизмат қилади[2].

Қишлоқ хўжалиги ер ва сув ресурсларидан самарали фойдаланиш, тупроқ ҳолатини яхшилаш, мўл ва сифатли ҳосил олиш асосий мақсад ҳисобланади. Ресурслардан жумладан, нефт маҳсулотларидан тез фойдаланиш ёқилғи-мойлаш материалларнинг танқислигига олиб келади. Шу боис қишлоқ