

# ЮМШОҚ БУҒДОЙНИНГ БЕККРОСС ДУРАГАЙЛАРИДА САРИҚ ЗАНГ КАСАЛЛИГИГА ЧИДАМЛИЛИК ГЕНЛАРИНИ МАРКЕР ЁРДАМИДА СЕЛЕКЦИЯ ҚИЛИШ

Очилов Бехруз Одилович, б.ф.ф.д.,

ORCID:0009-0005-0658-7193

Тўрақулов Хуршид Садуллаевич, б.ф.н.,

ORCID:0009-0001-7358-9157

Чиникулов Баходир Хуразович, б.ф.н.,

ORCID:0009-0000-1252-2891

Мелиев Содир Каримжонович, б.ф.ф.д.,

ORCID: 0000-0003-0647-7769

Айтенов Илхам Сарсенбай ули, б.ф.ф.д.,

ORCID:0009-0008-6606-2737

Ибрагимова Шохида Октамовна, докторант,

ORCID:0009-0005-9364-4335

Ўзбекистон Республикаси Фанлар академияси Генетика ва ўсимликлар экспериментал биологияси институти

Асранова Мавлуда Қобилжоновна, кичик илмий ходим

ORCID:0009-0000-2676-1826

Тошкент давлат Аграр университети

Холикова Мохичехра Азаматовна, б.ф.ф.д.

ORCID: 0009-0003-5597-5569

Чирчиқ давлат Педагогика университети.

**Аннотация.** Ушбу тадқиқотда буғдой навларининг сариқ занг касаллигига чидамлилигини аниқлаш мақсадида молекуляр маркерлар қўлланилди. Чидамли Avocet изоген линиялари ҳосилдор навлар билан чапиштирилиб, ҳосил қилинган беккросс авлодлар фенотипик ва генотипик жиҳатдан баҳоланди. Тадқиқот натижаларига кўра, Xpsp3000 ва Barc008 SSR маркерлари мос равишда Yr10 ва Yr15 чидамлик генлари билан яқин боғлиқликка эга экани тасдиқланди. Ушбу натижалар селекция жараёнида маркерга асосланган танлов (MAS) технологиясини қўллаш орқали сариқ зангга чидамли янги навларни яратишида самарали ёндашув эканлигини кўрсатди.

**Калит сўзлар:** буғдой, дурагай, беккросс, чапиштириш, ДНК, сариқ занг, касаллик, маркер.

**Аннотация.** В данном исследовании для определения устойчивости сортов пшеницы к жёлтой ржавчине были применены молекулярные маркеры. Устойчивые изогенные линии Avocet скрещивали с высокоурожайными сортами, и полученные беккросс-поколения оценивали фенотипически и генотипически. Результаты исследования подтвердили, что SSR-маркеры Xpsp3000 и Barc008 имеют тесную связь с генами устойчивости Yr10 и Yr15 соответственно. Эти результаты показали, что применение технологии маркер-ассоциированной селекции (MAS) в селекционном процессе является эффективным подходом к созданию новых сортов, устойчивых к жёлтой ржавчине.

**Ключевые слова:** пшеница, гибрид, беккросс, скрещивание, ДНК, жёлтая ржавчина, болезнь, маркер.

**Abstract.** In this study, molecular markers were employed to determine the resistance of wheat varieties to yellow rust. Resistant isogenic lines of Avocet were crossed with high-yielding varieties, and the resulting backcross generations were evaluated both phenotypically and genotypically. The research findings confirmed that SSR markers Xpsp3000 and Barc008 are closely linked to the resistance genes Yr10 and Yr15, respectively. These results demonstrated that the application of marker-assisted selection (MAS) technology in the breeding process is an effective approach for developing new varieties resistant to yellow rust.

**Keywords:** Wheat, hybrid, backcross, crossing, DNA, yellow rust, disease, marker.

**Кириш.** Юмшоқ буғдой бутун дунёда етиштириладиган асосий донли экинларидан бўлиб, инсонларнинг озиқ-овқат махсулотлари билан таъминлашда муҳим ўрин тутди. Глобал озуқа каллорияларининг тахминан 19-20% ини ва оқсилнинг 21% ини таъминлайди [1,2]. Дунё бўйлаб 2,5 миллиардга яқин инсон буғдой истеъмол қилади, етиштириш майдони бўйича 218 миллион гектардан ортиқ қишлоқ хўжалиги ерларини эгаллайди. Сунги йилларда глобал иқлим ўзгариши натижасида буғдойнинг сариқ занг касаллигини келтириб чиқарувчи *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* (Pst) патогени жаҳон

миқёсида буғдой етиштириш учун биотик салбий омиллардан бири бўлиб, буғдой экиладиган барча минтақаларда ҳосилнинг сезиларли даражада камайишига сабаб бўлмоқда. Сариқ занг касаллигининг эпидемиялари ҳосилдорликнинг 100% гача йўқотилишига олиб келган ҳолатлар кузатилган [3]. Ҳозиргача буғдойда Pst га чидамликни бошқарувчи 83 та локусда 89 та аллель каталогланган [4,5]. Булардан 62 таси асосий генлар бўлиб, ўсимликнинг барча ривожланиш босқичларида чидамликни (All Stage Resistance – ASR) таъминлайди. Қолган 27 таси эса катта ёшдаги ўсимлик

чидамлилигини (Adult Plant Resistance – APR) берувчи кичик генлардир. Шулардан бешта ASR (*Yr5*, *Yr7*, *YrSP* [1]; *Yr10* [6]; *Yr15* [7], иккита APR (*Yr18* [8] ва *Yr46* [9] ҳамда битта НТР (High-Temperature Post-Infection Resistance) гени (*Yr36* [10] хозиргача клонланган.

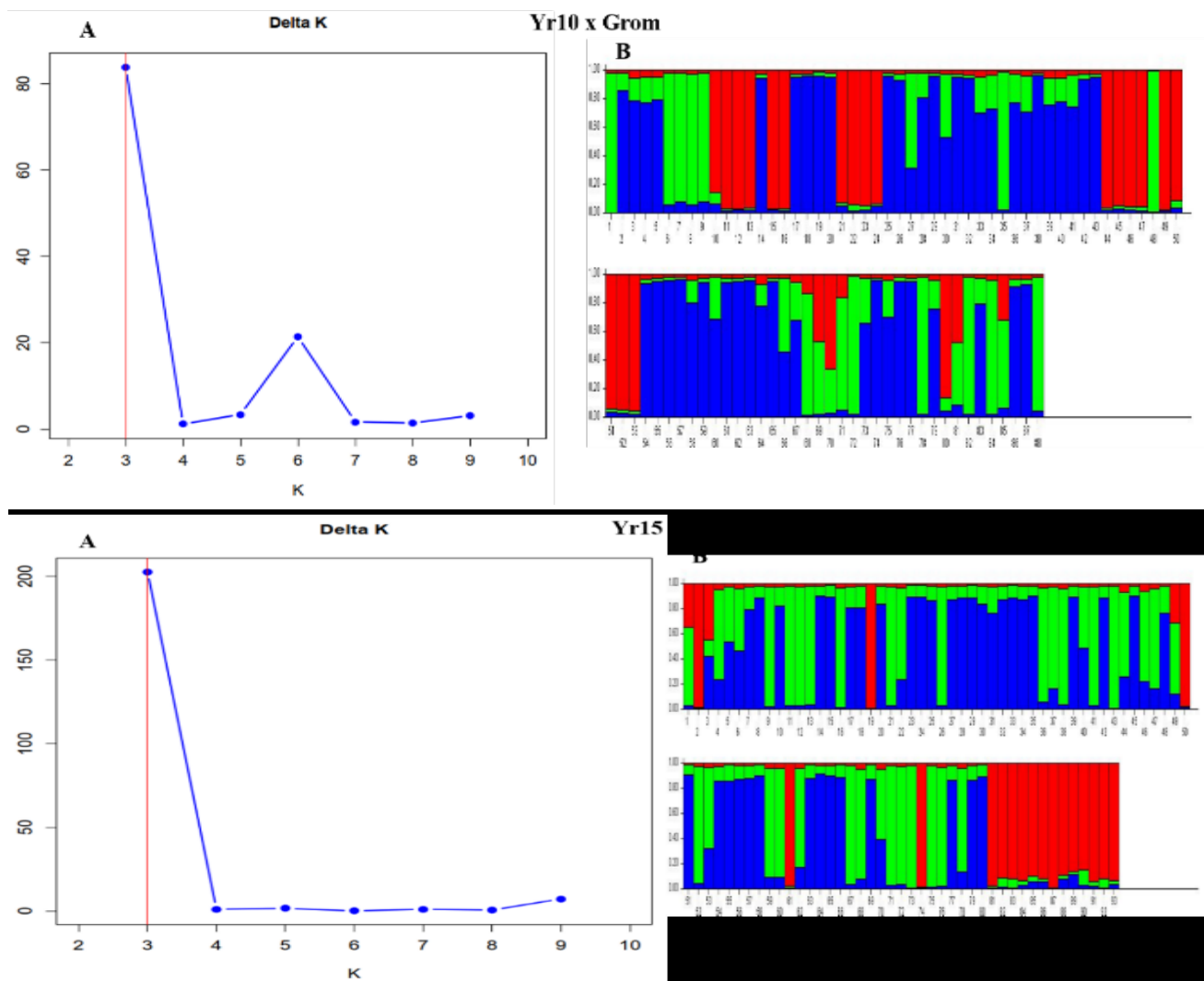
Иқлим ўзгариши сариқ зангнинг янги ирқлари пайдо бўлишига олиб келмоқда, бу эса мавжуд ASR (барча ривожланиш босқичларида чидамлилик) генларини самарасиз қилиб қўймоқда. Шуни инобатга олиб, биз беккросс усулида чаптирилган дурагай авлодларда касалликка қарши чидамли генотипларни аниқлашни мақсад қилдик.

**Материаллар ва услублар.** Тадқиқотда сариқ зангга чидамли Avocet изоген линиялари (*Yr10*, *Yr15* генларига эга) ва юқори ҳосилдор Краснодарская 99, Гром навлари ота-она сифатида ишлатилиб, BC<sub>3</sub>F<sub>2</sub> ва BC<sub>4</sub>F<sub>1</sub> беккросс авлодлари олинди. Сариқ занг касаллигига чидамлилик сунъий равишда яратилган инфекцион фонда Петерсон R.F. (1948) услубига асосланган баҳолаш шкаласи [11] бўйича баҳоланди. Тадқиқот намуналарининг умумий ДНК геноми Бен Бубнернинг протоколи орқали ажратилди [12]. Тадқиқот намуналарини барг тўқималаридан СТАБ (Cetyltrimethylammonium bromide) усулида геном ДНК ажратилиб [13], 11 та SSR маркери танланди. Популяция структураси STRUCTURE дастури [14].

ассоциация таҳлили эса GLM ва MLM моделлари ёрдамида Tassel дастурида амалга оширилди.

**Натижалар ва мунозара.** Тадқиқотларимизда намуналарда популяция тузилиши таҳлили ва STRUCTURE дастуридаги максимал аъзолик эҳтимоллигидан фойдаланиб самарали таснифланди. STRUCTURE дастурий таъминоти популяция ичидаги намуналарнинг генетик жиҳатдан боғлиқлигини тасдиқлади. STRUCTURE дастури ёрдамида Байес [15] ёндашувидан фойдаланиб, буғдой генотипининг популяция тузилиши ўрганилди. Популяция тузилишини ўрганиш максимал дельта К (ΔК) асосида кластерлар сонини (К) аниқлаш учун 1 дан 10 гача бўлган олдиндан белгиланган кластерлар сони (К) ёрдамида амалга оширилди. BC<sub>4</sub>F<sub>1</sub> беккросс авлод популяцияларида Evanno тести орқали энг юқори ΔК=3 да К нинг максимал чўққисини намоён этди, бу бутун популяцияни 3 кичик кенжа популяцияга гуруҳлаш мумкинлигини кўрсатди (1-расм).

**Structure натижалари** Structure Selector дастури (<https://lmme.ac.cn/StructureSelector/>) ёрдамида қайта ишланди. Олинган маълумотлар асосида кейинги босқичга ўтишга имкон берди. Кейинги босқичда фенотипик, генотипик маълумотлар ва ўхшашлик матрицаси (қариндошлик) ҳисоблаш учун GLM, шунингдек MLM таҳлили ўтказилди. Сариқ занг



1-Расм. Yr10/6 Avocet x Grom ва Yr15/6 Avocet x Grom комбинацияларда (А) ΔК қийматлари асосидаги фаразий кенжа популяцияларни баҳолаш. (В) Қ-қийматлари асосида популяция таркиби таҳлили.

## Беккросс авлод дурагайларида GLM va MLM таҳлили

Дурагай авлодлар	GLM		MLM	
	p-Value	R <sup>2</sup>	p-Value	R <sup>2</sup>
Yr10xKr(Xpsp3000_260)	0,0000612	0,16429	0,001654	0,1811
Yr10xGr(Xpsp3000_260)	0,009726	0,1198	0,009725	0,1198
Yr15xKr(Barc008_245)	0,000223	0,14124	0,005416	0,1008
Yr15xGr(Barc008_245)	0,000031	0,1762	0,00757	0,8203

касаллиги билан зарарланиш даражаси ҳамда беккросс авлодларда қўлланилган ўта полиморф 8 та SSR маркер маълумотлари асосида муҳим ассоциация хариталарини аниқлаш учун умумий чизиқли модель (GLM) ва аралаш чизиқли модель (MLM) ёндашувларидан фойдаланилди. Сариқ занг касаллигига ассоциация бўлган маркер ҳам GLM, ҳам MLM таҳлил маълумотлари бир-бирига мутаносиб натижа қайд этилганда, ушбу маркерни боғланган деб хулоса қилиш имкониятини беради. GLM таҳлилида сариқ зангга чидамлик белгилари учун  $P < 0,05$  дан юқори аҳамиятга эга бўлган ассоциатив гуруҳ танланди. Tassel дастурига генотипик маълумотларни юклашда GLM таҳлили учун 1;0 генотиплаш шаклида, MLM таҳлили учун эса “Нартар” шаклига ўтказилган ҳолда амалга оширилди. Бунинг учун ҳар бир аниқланган аллел “А”- аллелнинг мавжудлиги, “С”- аллелнинг мавжудлиги ва “Н”- амплификация кетмаган аллеллар сифатида кодланиб ўзгартирилди. Барча ассоциацияларни таҳлил қилиш моделлари SSR маълумотлар тўпламидан 5 фоизли аллел филтри билан фойдаланилди.

**Ассоциация таҳлил натижалари:** GLM ва MLM моделлари GLM ҳамда MLM модели таҳлили сариқ занг касаллигига чидамлиги учун Yr10/6 Avocet нинг дурагай авлодлари учун Xpsp3000 маркери, Yr15/6 Avocet нинг дурагай авлодлари учун Barc008 маркери боғланганлиги аниқланди. Ушбу SSR маркерлар энг юқори ассоциацияларни кўрсатди ва  $P$ -қиймати  $P < 0,05$  эканлиги уларнинг статистика жиҳатдан аҳамиятини тасдиқлади. Бу турли хил таҳлилий ёндашувларда аниқланган ассоциацияларнинг барқарорлигини англатади. GLM таҳлили

$R^2$  қийматлари 0,1198 дан 0,1762 гача бўлган ассоциацияларни кўрсатди, MLM таҳлили эса бу белгининг ассоциацияланган маркерларни 0,08203 дан 0,1811 гача бўлган  $R^2$  қийматлари билан муҳим боғланишларни кўрсатди (1-жадвал).

Yr15/6 Avocet x Grom дурагай намуналарида GLM ва MLM таҳлиллари ўтказилганда, ҳар иккала таҳлил натижаларида Barc008 праймерининг 245 жуфт асоси яққол устунликни намоён этди. GLM таҳлилда  $P$ -value 0.000031 қийматни, MLM таҳлилда эса 0.00757 қийматни кўрсатди.  $R^2$  қиймати GLM таҳлилда 17.62% ни, MLM таҳлилда эса 8.2% ни ташкил этди. Yr10/6 Avocet x Krasnodarskaya-99 беккросс дурагайлари генотипларида эса биринчи навбатда gwm273 маркери, сўнгра иккинчи ўринда xpsp3000 маркерининг  $P$ -value қиймати 0.0000612 эканлиги аниқланди. Кейинги MLM таҳлили натижасида xpsp3000 маркерининг  $P$ -value қиймати 0.001654 бўлиб, бу маркер саралаб олинди.

**Хулоса.** Олиб борилган таҳлиллар натижасида Yr10 ва Yr15 генларининг мавжудлигини аниқлашда тегишли молекуляр маркерларнинг самарадорлиги тасдиқланди. Жумладан, xpsp3000 маркери орқали Yr10 генини, Barc008 маркери ёрдамида эса Yr15 генини аниқлаш мумкинлиги, мос равишда Yr10/6 Avocet ва Yr15/6 Avocet тизмалари асосида олинган дурагайларда амалга оширилган ПЗР таҳлиллари натижалари билан тасдиқланди. Мазкур маркерлардан фойдаланиш сариқ зангга чидамли ўсимликларни аниқлашда ва уларни селекция мақсадларда самарали саралаб олишда муҳим аҳамиятга эга эканлиги исботланди.

## АДАБИЁТЛАР:

1. Marchal C, Zhang J, Zhang P, Fenwick P, Steuernagel B, Adamski NM, Boyd L, McIntosh R, Wulff BBH, Berry S, Lagudah E, Uauy C (2018) BED-domain-containing immune receptors confer diverse resistance spectra to yellow rust. *Nature Plants* 4(9):662–668.
2. Meliev, S., Chinikulov, B., Ochilov, B., Nurmetov, K.H., Bakhodirov, U., Buzurukov, S., Matkarimov, F., Sobirov, F., Turakulov, K.H. and Bozorov, T., 2025. Wheat resistance to yellow rust based on morphophysiological and yield characteristics. *Sabrao j. Breed. Genet*, 57(2), pp.403-413.
3. Wellings CR (2011) Global status of stripe rust: A review of historical and current threats. *Euphytica* 179:129–141; Chen XM (2020) Pathogens which threaten food security: Puccinia striiformis, the wheat stripe rust pathogen. *Food Security* 12:239–251
4. Awais, M., Ma, J., Chen, W., Zhang, B., Turakulov, K.S., Li, L., Egamberdieva, D., Karimjonovich, M.S., Kang, Z. and Zhao, J., 2025. Molecular genotyping revealed the gene flow of Puccinia striiformis f. sp. tritici clonal lineage from Uzbekistan of Central Asia to Xinjiang of China. *Phytopathology Research*, 7(1), p.2.
4. Komugi (2023) Wheat Genetic Resources Database. <https://shigen.nig.ac.jp/wheat/komugi/genes/symbolListPageAction.do?page=-1>. Accessed 24 Mar 2023
6. Liu W, Frick M, Huel R, Nykiforuk CL, Wang X, Gaudet DA, Eudes F, Conner RL, Kuzyk A, Chen Q, Kang Z, Laroche A (2014) The stripe rust resistance gene Yr10 encodes an evolutionary-conserved and unique CC-NBS-LRR sequence in wheat. *Mol Plant* 7:1740–1755
7. Klymiuk V, Yaniv E, Huang L, Raats D, Fatiukha A, Chen S, Feng L, Frenkel Z, Krugman T, Lidzbarsky G, Chang W (2018) Cloning of the wheat Yr15 resistance gene sheds light on the plant tandem kinase-pseudokinase family. *Nat*

---

Commun 9(1):3735

8. Krattinger SG, Lagudah ES, Spielmeier W, Singh RP, Huerta-Espino J, McFadden H, Bossolini E, Selter LL, Keller B (2009) A putative ABC transporter confers durable resistance to multiple fungal pathogens in wheat. *Science* 323:1360–1363

9. Moore JW, Herrera-Foessel S, Lan C, Schnippenkoetter W, Ayliffe M, Huerta-Espino J, Lillemo M, Viccars L, Milne R, Periyannan S, Kong XY, Spielmeier W, Talbot M, Bariana H, Patrick JW, Dodds P, Singh R, Lagudah E (2015) A recently evolved hexose transporter variant confers resistance to multiple pathogens in wheat. *Nature Genet* 47:1494–1498

10. Fu D, Uauy C, Distelfeld A, Blechl A, Epstein L, Chen X, Sela H, Fahima T, Dubcovsky J (2009) A kinase-START gene confers temperature-dependent resistance to wheat stripe rust. *Science* 323:1357–1360

11. Peterson R. F., Campbell A. B., Hannah A. E. A diagrammatic scale for estimating rust intensity on leaves and stems of cereals //Canadian journal of research. – 1948. – V. 26. – №. 5. – P. 496-500.

12. Ben Bubner, Klaus Gase, and Lan T Baldwin (2004). Two-fold differences are the detection limit for determining transgene copy numbers in plants by real-time PCR. *BMC Biotechnol.* 4: 14. doi: 10.1186/1472-6750-4-14

13. Doyle J. J. and Doyle J. L. 1990. Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus*, 12: 13-15

14. Evanno G., Regnaut S., Goudet J. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study //Molecular ecology. – 2005. – V. 14. – №. 8. – P. 2611-2620.

15. Pritchard J. K., Stephens M., Donnelly P. Inference of population structure using multilocus genotype data //Genetics. – 2000. – V. 155. – №. 2. – P. 945-959