

O'ZBEKISTON RESPUBLIKASI
OLIIY TA'LIM, FAN VA INNOVATSIYALAR VAZIRLIGI

FARG'ONA DAVLAT UNIVERSITETI

**FarDU.
ILMIY
XABARLAR**

1995-yildan nashr etiladi
Yilda 6 marta chiqadi

5-2025
TABIY FANLAR

**НАУЧНЫЙ
ВЕСТНИК.
ФерГУ**

Издаётся с 1995 года
Выходит 6 раз в год

Sh.S.Abdukarimov, A.X.Makamov, Sh.U.Boboxujayev, M.F.Sanamyan, Z.T.Buriev O'simliklarda xromosomasi almashgan yoki xromosoma segmentlari almashgan liniyalarni olish va ularning ahamiyati	114
M.A.Jumanov, R.R.Raxmonov O'zbekistonda ovlashga ruxsat etilgan qushlarning sistematik tahlili va Buxoro viloyatida uchrashi haqida ma'lumotlar	120
A.A.Ahmadjonov, A.T.Turdaliyev, I.I.Musayev, Y.H.Muhammadov Sug'oriladigan tuproqlar va gilosda biomikroelementlar biogeokimyosi	127
A.N.Yusupov, M.S.Ayubov, X.A.Ubaydullayeva, B.O.Mamajonov, N.Sh.Obidov, A.A.Murodov, Z.H.Bashirxonov, S.A.Abdullaev, F.I.Babadjanova Integrativ RNA-seq tahlili asosida soya (<i>Glycine max</i>) va tok (<i>Vitis vinifera</i>) o'simliklarida abiotik stressiga chidamlilik bilan aloqador genlarni aniqlash	134
D.E.Usmanov, Sh.S.Abdukarimov, B.M.Sobirov, A.A.Azimov, A.T.Abdug'afforov, D.S.Juraqulov, Z.T.Buriev G'o'za (<i>G.hirsutum</i> L.) GHFHY3/FAR1 genlar oilasi vakillarini tavsiflash	143
D.E.Usmanov, Sh.S.Abdukarimov, B.M.Sobirov, A.A.Azimov, A.T.Abdug'afforov, D.S.Juraqulov, Z.T.Buriev G'o'za (<i>Gossypium spp</i>) turlari GHFHY3/FAR1 genlar oilasi vakillarini solishtirma bioinformatik tahillar yordamida aniqlash	153
A.A.Sharifjonov, D.E.Usmanov, Sh.S.Abdukarimov, B.M.Sobirov, A.T.Abdug'afforov, D.S.Juraqulov, Z.T.Buriev, Sh.R.Xusanbayeva A.A.Sharifjonov G'o'za (<i>G.hirsutum</i> L.) turi GHFHY3/FAR1 genlar oilasi vakillari Cis-element hududlarini o'rganish	158
S.D.Dadayev, D.A.Paluanliyazova Qoraqalpog'iston sharoitida qo'ylar gelmintlari faunasi va ularning sistematik holati	164
Sh.Q.Yuldasheva, M.I.Teshaboyeva Nok zararkunandalariga qarshi kimoviy kurashning ta'siri	170
Sh.Q.Yuldasheva, A.Q.Xamidov Farg'ona vodiysida temirchaklar (Tettigoniodea)ni tarqalishi va unga ta'sir etuvchi omillar	174
N.S.Abdunazarov, B.D.Mamarasulov <i>Streptomyces spectabilis</i> fermentatsiyasida muhit sharoitlarini ahamiyati	178
G'.Yuldashev, Q.S.Maxsudov Janubiy Farg'ona gipsli bo'z tuproqlarida namlik bosimining o'zgarishi	182
J.S.Sattarov, S.Q.Mahammadiyev, Sh.D.Quramboyeva Piskent tumanining sug'oriladigan tipik bo'z tuproqlarida granulometrik tarkibi xususiyatlari	188
Sh.Sh.Qosimova, B.D.Mamarasulov <i>Streptomyces</i> sp. izolyatining antibiotikka chidamli klinik shtammlarga nisbatan antimikrob faolligini baholash	194
Z.A.Yusupova Shohimardonsoy havzasi dorivor o'simliklari	199

QISHLOQ XO'JALIGI

D.E.Djo'rayeva, M.T.Isag'aliyev Dorivor godji (<i>Lycium barbarum</i> L.) ninsya navi urug'lari unuvchanligini baholash	206
T.T.Usmanov, N.I.Xalilova, A.A.Ibrahimg'aliyev, M.A.Mamasoliyeva Влияние кремниевых препаратов на всхожесть и биохимическую активность проростков хлопчатника сорта Бухара-8 в условиях изменения климата и засоления почвы	211
S.Q.Zakirova, Z.Z.Abdushukurova Ta'qirsimon tuproqlarning tuz rejimi va uni boshqarish	218
O.O.Mamatqulov, M.A.G'oziyev Turli ko'chat qalinligi va defoliant me'yorlarini o'rta tolali S-7303 g'o'za navi chigit sifatiga ta'sirini baholash	222



UO'K: 575.1:57.085.2

**O'SIMLIKLARDA XROMOSOMASI ALMASHGAN YOKI XROMOSOMA SEGMENTLARI
ALMASHGAN LINIYALARNI OLISH VA ULARNING AHAMIYATI****ПОЛУЧЕНИЕ ЛИНИЙ РАСТЕНИЙ С ПЕРЕСТРОЕННЫМИ ХРОМОСОМАМИ ИЛИ СЕГ-
МЕНТАМИ ХРОМОСОМ И ИХ ЗНАЧЕНИЕ****DEVELOPMENT OF PLANT LINES WITH CHROMOSOMAL OR CHROMOSOME SEG-
MENT TRANSLOCATIONS AND THEIR SIGNIFICANCE****Abdukarimov Sharofiddin Sayfidinovich¹** ¹O'zbekiston Respublikasi fanlar akademiyasi, Genomika va bioinformatika markazi, kichik ilmiy xodim, O'zbekiston milliy universiteti, Biologiya va ekologiya fakulteti**Makamov Abdusalom Xasanboyevich²** ²O'zbekiston Respublikasi fanlar akademiyasi, Genomika va bioinformatika markazi, biologiya fanlari falsafa doktori, PhD**Boboxujayev Shuxrat Umarovich³** ³O'zbekiston milliy universiteti Biologiya va ekologiya fakulteti dotsenti, Chirchiq davlat pedagogika universiteti**Sanamyan Marina Feliksovna⁴** ⁴O'zbekiston milliy universiteti, Biologiya va ekologiya fakulteti professori**Buriev Zabardast Tojiboyevich⁵** ⁵O'zbekiston Respublikasi fanlar akademiyasi, Genomika va bioinformatika markazi, biologiya fanlari doktori**Annotatsiya**

Ushbu maqolada qishloq xo'jaligining asosiy ekinlaridan hisoblangan bug'doy, sholi va g'o'zada xromosomasi almashgan yoki xromosoma segmentlari almashgan liniyalarni olish va ularning ahamiyati haqida so'z boradi. Bunday liniyalarning olishdan maqsad, abiotik va biotik stresslarga chidamli bo'lgan yangi o'simlik navlarni olish hisoblanadi. Bunday navlarda ikkita turning xromosomalari yoki xromosoma segmentlari bitta o'simlikda mujassam bo'ladi.

Аннотация

В данной статье рассматривается получение линий пшеницы, риса и хлопчатника — основных сельскохозяйственных культур — с хромосомными транслокациями или обменом сегментами хромосом, а также значение этих линий. Цель создания таких линий заключается в выведении новых сортов растений, обладающих устойчивостью к абиотическим и биотическим стрессам. В подобных сортах в одном растении сочетаются хромосомы или их сегменты от двух различных видов.

Abstract

This article discusses the development and significance of wheat, rice, and cotton lines—key agricultural crops—with chromosomal translocations or exchanged chromosomal segments. The primary objective of producing such lines is to create new plant varieties that exhibit resistance to abiotic and biotic stresses. In these varieties, chromosomes or chromosomal segments from two different species are integrated into a single plant.

Kalit so'zlar: g'o'za, bug'doy, sholi, xromosoma, xromosomasi almashgan liniyalar, xromosoma segmenti almashgan liniyalar, DNK markerlar, QTL lokuslar, SSR markerlar

Ключевые слова: хлопчатник, пшеница, рис, хромосома, линии с замещёнными хромосомами, линии с замещёнными сегментами хромосомы, ДНК-маркеры, QTL-локусы, SSR-маркеры

Key words: cotton, wheat, rice, chromosome, chromosome substitution lines, chromosome segment substitution lines, DNA markers, QTL loci, SSR markers

KIRISH

Hozirgi kunda genetik tadqiqotlar zamonaviy qishloq xo'jaligi va seleksiya sohalarida muhim ahamiyat kasb etmoqda. Xususan, o'simliklarning genetik resurslarini boyitish va ularning barqarorligini oshirish maqsadida xromosomalar yoki ularning ayrim segmentlarini almashtirish orqali yangi liniyalar yaratish muhim jarayon hisoblanadi.

Xromosomalar yoki ularning segmentlari almashinuvi tabiiy mutatsiyalar yoki insonning seleksiya jarayonlaridagi aralashuvi natijasida yuzaga keladi.

Xromosomalarni almashtirish quyidagi maqsadlar uchun amalga oshiriladi:

1) amfidiploidlarni olish uchun genomni almashtirish (*Raphanobrassica* (turp va karam duragayi), *Triticale* (bug'doy va javdar duragayi)).

2) xromosomasi almashtirilgan liniyalar. Bular bir yoki bir nechta xromosomalarni boshqa turlar bilan chatishtirib olish imkonini beradi. Turli kasallik va zararkunandalarga chidamli, ertapishar, serhosil navlarni olish uchun xromosomasi almashtirilgan ekinlar mavjud: g'o'za, qand lavlagi (*Beta vulgaris*), karam (*Brassica rapa*), sholi, arpa, jo'xori, tamaki va pomidor

3) xromosoma segmentining almashtirilishi [18].

Xromosomasi almashtirilgan liniyalarni olish quyidagi tartibda amalga oshiriladi.

1) donor va retsiyent ota-ona o'simliklarni tanlab olish;

2) xromosomasi almashtirilgan liniyalarni yaratish sxemasini tuzish;

3) polimorf markerlarni tanlab olish;

4) DNK ajratish, PZR amalga oshirish va markerlarni aniqlash;

5) xromosomasi almashtirilgan liniyalarni baholash;

6) agronomik belgilarni o'rganish;

7) QTL larni aniqlash;

8) Nishon genni fizik xaritalash.

Xromosomalarni almashtirish o'simliklarning CSSLs (chromosome segment substitution lines – xromosoma segmentlari almashgan liniyalar), ILs (Introgression lines – introgressiv liniyalar), BILs (Backcross inbred lines – bekkross inbred liniyalar) va NILs (Near-isogenic lines – izogen liniyalar) larni xaritalash orqali chidamli nav yaratish uchun ishlatiladi [18].

Xromosomasi almashgan liniyalarni o'rganish seleksioner olimning qiziqtirgan belgilarga xromosomalarning ta'sirini o'simliklarda tekshirish imkonini beradi [14]. Bu aneuploidlardan foydalanishga asoslangan bo'lib, 1953 yilda Ernie Sears tomonidan ishlab chiqilgan va amaliyotga tatbiq qilingan [23].

Xromosomasi almashtirilgan liniyalarning afzalliklari quyidagilardan iborat [10]:

1) irsiyatda maqsadli foydalanishga imkon beruvchi genetik ta'sirlarni lokalizatsiya qilish.

2) genetik xususiyatlarni ochib berish va kelgusi avlod shakllari bilan bog'lash.

3) genetik ta'sirlarni baholash.

Bug'doyda xromosomasi-almashgan liniyalarini olish. Bu kabi ishlar dastlab 1957-yildan boshlangan o'sha vaqtda, Xitoyning bahorgi bug'doy liniyalari donor nav sifatida olingan Thatcher, Hope va Timstein bilan o'zaro chatishtirilib, 3 ta xromosomasi almashgan liniyalarning to'plami olingan [13]. Geksaploid bug'doylarning genetik tuzilishini to'liqroq tahlil qilish aneuploid liniyalar yordamida olingan xromosomasi almashgan liniyalardan foydalanilgan [2, 13, 15]. 1977- yilda bug'doyda qiltanoqsiz va qiltanoqli belgilarni o'rganish uchun Xitoyning Chinese Spring navi Tetcher navining Th5D (dominant), Th6B (retsessiv), Qizil Misr (Red Egyptian) navining RE4D (dominant) va RE4B (retsessiv); past bo'yli va baland bo'yli belgilarini o'rganish maqsadida esa Timstein navidan olingan T2D (dominant allelga ega) navlararo xromosomasi almashgan o'simliklardan foydalanildi [19].

2006-yilga kelib, bug'doyning xromosomasi almashgan liniyalarini o'rganish yangi bosqichga ko'tarildi. Bunda (*Triticum aestivum* L. × *Secale cereale* L.) × *T.aestivum* L. chatishtirish asosida bug'doy-javdar liniyalari (2n=42) bir juft gomeologik xromosomalarni o'z ichiga olgan kariotiplar yaratil-

gan. Ularning xromosoma tarkibi GISH, C-bendlash (C-banding) va SSR tahlili kabi usullar yordamida tavsiflangan [24].

Molekular-genetik ya'ni SSR tahlili uchun 5-7 kunlik 2 tadan 8 gacha xromosomasi-almashgan liniyalar olingan, S29, N67 bug'doy navlari, Onokhoiskaya javdar navidan umumiy DNK ajratildi va bug'doyning 92 ta mikrosatellit markeri [17, 21] va javdarning 24 ta markeridan [11, 12, 16] foydalanildi. Bug'doyning SSR markerlari A, B va D genomlarning barcha xromosomalarini, javdar markerlari esa 4R xromosomadan tashqari barcha xromosomalarni qamrab oldi [23].

Sholida xromosomasi-almashgan liniyalarini olish. 1997 yilda *O.sativa* genetik fonida *O.glaberrima* ning xromosoma fragmentiga ega bo'lgan 100 ta «kontig liniyalar» to'plami yaratildi [8]. Ularni yaratishda dastlab ikki tur o'zaro chatishtirilib, STS (sequence-tagged site – ketma-ketlik belgilangan sayt) va RAPD (random amplified polymorphic DNA – tasodifiy amplifikatsiyalangan DNK) markerlar yordamida genetik bog'langan kartasi ishlab chiqiladi. BC₁ dan boshlab ahamiyatli lokusga ega bo'lgan liniyalar tanlab olinadi.

Afrika sholisi *O.glaberrima* ga xos belgilar genetikasini tahlil qilish uchun Yaponiya sholisi-Taichung 65 fonida bir qator *O.glaberrima* xromosomasi almashgan liniyalar yaratildi [5].

Bundan tashqari, sholining bir nechta xromosoma segmenti almashgan liniyalari olindi va ularda abiotik va biotik stresslarga chidamli, hosildorlikka aloqador bo'lgan bir nechta QTL lar aniqlandi [1, 3, 29]. Sholining *O.sativa* turining genetik fonida BC3 avlodida *O.glaberrima* ning 60 ta xromosoma segmenti almashgan liniyalaridan foydalanib, 1, 2, 3, 7, 11 va 12 xromosomalarda 15 ta QTL lokalizatsiya qilingan [1].

Yaponiyada *Oryza sativa* ning Koshihikari navi bilan *O.rufipogon* ning W010 navi o'zaro chatishtirilishidan 33 ta CSSL yaratildi va bir nechta agroteknika belgilari bo'yicha baholandi va 99 ta QTL aniqlandi [6]. 2015 yilda AQSH da *O.sativa* ning "Bengal" navi bilan PSRR-1 navining o'zaro chatishtirilishidan olingan avlodlarning CSSL kutubxonasi ishlab chiqildi. Unga ko'ra, CSSL populyatsiyasida 1, 4 va 8-xromosomalarda o'simlik bo'yining balandligiga aloqador bo'lgan 3 ta asosiy QTL lar aniqlandi [26].

Sholida xromosoma segmenti almashgan liniya (CSSL) lardan tashqari yagona segmenti almashgan liniyalar (Single segment substitution line – SSSL) ham yaratilgan [4, 28, 30]. Bunda keyingi avlodda donorning faqat bitta segmenti mavjud bo'ladi.

Sholining Xihui18/Z783 ning F2 avlodida 4 va 9 xromosomalarda SSSL olindi va tahlil qilindi. Tahlil natijalariga ko'ra, hosildorlikka aloqador bo'lgan 9 ta QTL (5 tasi to'rtinchi va 4 tasi to'qqizinchi xromosomada) aniqlandi. Bundan tashqari, 5, 6, 7, 9 va 12 xromosomalarda don hajmiga aloqador bo'lgan 6 ta QTL aniqlandi [4].

G'o'zada xromosomasi-almashgan liniyalarini olish. Reinisch va boshqalar (1994) AQSH sitogenetik g'o'zaning turlararo *Gossypium hirsutum* ga *Gossypium barbadense* dan alohida (1, 2, 4, 6, 9, 10, 17, 20 va 25) xromosomasi-almashgan monosomik shakllarda va *G.barbadense* ni uzun va kalta xromosomani elkasi almashgan 5Lo, 14Lo, 15Lo, 18Lo, 22sh va 26sh shakllarda restriksiyalangan fragment uzunligi polimorfizmi (RFLP) markerlari yordamida o'rganildi. Natijada, yadroviy DNKda *G.hirsutum* va *G.barbadense* ga nisbatan 46,2% farqlanishga ega RFLP zondlar aniqlandi [20].

2005-yilda AQSH olimlari D. M. Stelly va boshqalar *G.hirsutum* bilan *G.barbadense* turiga mansub g'o'za liniyalarini o'zaro chatishtirib, *G.barbadense* ning 1, 2, 4, 6, 7, 16, 17, 18, 25 xromosomalarni to'liq, 5, 11, 14, 15, 22 xromosomalarning kichik elkasi va 22 hamda 26 xromosomalarning uzun elkasi *G.hirsutum* ga ko'chib o'tganligini aniqlashdi va xromosomalar bo'yicha 17 alohida xromosomasi yoki elkali almashgan liniya yaratildi [25].

Gutierrez va boshqalar (2009) g'o'zaning *G.hirsutum* turiga ikkita donor turlar *G.barbadense* va *G.tomentosum* asosida olingan xromosomasi-almashgan F1 gipoaneuploid duragaylarda 318 ta SSR markerlarda molekular-genetik tahlillar olib borildi. 318 ta SSR markerlardan 123 ta yangi SSR marker (01Lo, 01sh, 02Lo, 02sh, 04Lo, 04sh, 06Lo, 06sh, 07Lo, 07sh, 09Lo, 09sh, 10Lo, 10sh, 11Lo, 11sh, 12Lo, 12sh, 16Lo, 16sh, 17Lo, 17sh, 18Lo, 18sh, 20Lo, 20sh, 22Lo, 22sh, 25Lo va 25sh) 15 ta xromosomaning har ikki elkalariga va 9 ta xromosomalarni faqat bir elkalariga (03Lo, 05sh, 08sh, 13, 14sh, 15sh, 19, 23 va 26Lo) to'liq lokalizatsiya qilindi [9].

BIOLOGIYA

G'ozaning SS-B11sh, SS-B16 va SS-B17 liniyalari nematoda va Fusarium ga qarshilik qiluvchi genlarning tasdiqlangan hududlarini tahlil qilish CS-B liniyalarning naslchilik dasturi uchun germapolazma resursi va QTL ning kasalliklarga chidamliligiga ta'sirini aniqlash uchun genetik tahlil vositasi sifatida qiymatini ko'rsatdi [27].

Fang va boshqalar tomonidan (2022) birinchi marotaba 18 ta xromosomasi-almashtirgan (CS-B) liniyalarda va ularni uchta navga chatishtirish asnosida 180 rekombinant inbredning liniya (RIL) olingan va ushbu liniyalar asosida MAGIC populyatsiyalar yaratilgan [7].

M.F.Sanamyana rahbarligida g'ozaning *G.hirsutum* L. turiga mansub L-458 liniyasi (normal, $2n=52$) asosida monosomik va monotelodisomik liniyalar yaratilgan [22]. Ushbu liniyalar bilan *G.barbadense* L.turiga kiruvchi Pima 3-79 liniyasining o'zaro chatishtirilishidan olingan o'simliklar SSR markerlar yordamida molekular genetik tahlillar o'tkazilgan.

Almashtirgan xromosoma donor (Pima 3-79) dan kelgan va qaysi xromosomasi ko'chib o'tganligini aniqlash maqsadida SSR markerlar yordamida molekular tahlillar o'tkazilib kelinmoqda [31, 32, 34].

Bugungi kunga kelib O'zbekistonda birinchi marotaba g'ozaning *G.hirsutum* turiga mansub L-458 liniya genofondi asosida CS-B04_Uz liniyasi yaratildi va yaratilgan liniyada molekular-genetik usullar bilan tekshirildi va natijada g'ozani *G.barbadense* turining At-subgenomning 4 xromosomasi almashtirganligi aniqlandi [33].

XULOSA

Xromosomasi almashtirgan yoki xromosoma segmentlari almashtirgan liniyalar madaniy o'simliklar genomiga shu turkumga mansub bo'lgan yovvoyi o'simliklarning qimmatli belgilarini ko'chirib o'tkazish natijasida olinadi. Xromosoma segmentlari almashtirgan liniyalarning har bir avlodida qiziqqan belgiga aloqador QTL lokus donor genomidagi marker-belgining xromosoma bo'lagi bo'ladi. Natijada avlodlarda ayrim o'zgarishlar bo'lib, bu o'zgarishlar fenotipik baholanadi. Keyinchalik CSSLs lar QTL yoki genlarni xaritalashda foydalaniladi.

Minnatdorchilik. Tadqiqot O'zbekiston Respublikasi Oliy ta'lim, fan va innovatsiyalar vazirligi tomonidan F-OT-2021-155 loyihasi, №2025/16-sonli va №2025/23-sonli akademik mobillik dasturi doirasida moliyaviy qo'llab-quvvatlandi.

ADABIYOTLAR RO'YXATI

1. Adam H., Gutiérrez A., Couderc M., Sabot F., Ntakitimana F., Serret J., Orjuela J., Tregear J., Jouannic S., Lorieux M. Genomic introgressions from African rice (*Oryza glaberrima*) in Asian rice (*O.sativa*) lead to the identification of key QTLs for panicle architecture. BMC Genomics, 2023. Vol.-24. P.-1-24.
2. Aksel R. Quantitative genetic analysis of characters in wheat using crosses of chromosome substitution lines (theoretical considerations). Genetics, 1967. Vol.- 57. P.-195-211.
3. Ali M. L., Sanchez P. L., Yu S., Lorieux M., Eizenga G. C. Chromosome Segment Substitution Lines: A Powerful Tool for the Introgression of Valuable Genes from *Oryza* Wild Species into Cultivated Rice (*O.sativa*). Rice, 2010. Vol.-3. -P.-218-234).
4. Deng K., Zhang H., Wu J., Zhao Zh., Wang D., Xu G., Yu J., Ling Y., Zhao F. Development of Single-Segment Substitution Lines and Fine-Mapping of qSPP4 for Spikelets Per Panicle and qGW9 for Grain Width Based on Rice Dual-Segment Substitution Line Z783. International Journal of Molecular Sciences, 2023. Vol.-24. P.-1-19.
5. Doi K, Iwata N, Yosimura A. The construction of chromosome substitution lines of African rice (*Oryza glaberrima* Steud) in the background of japonica rice (*O.sativa* L.). Rice Genet News, 1997. Vol.-14: - P.- 9-41.
6. Fang D.D., Thyssen G.N., Wang Ma., Jenkins J.N., McCarty J.C., Jones D.C. Genomic confirmation of *Gossypium barbadense* introgression into *G. hirsutum* and a subsequent MAGIC population. Molecular Genetics and Genomics, 2022. Vol.-298. P.-143-152.
7. Furuta T., Uehara K., Angeles-Shim R.B., Shim J., Ashikari M., Takashi T. Development and evaluation of chromosome segment substitution lines (CSSLs) carrying chromosome segments derived from *Oryza rufipogon* in the genetic background of *Oryza sativa* L. Breed Sci. 2014 Mar; Vol.-63 (5): P.-468-475.
8. Ghesquire A, Squier J, Second G, Lorieux M. First steps towards a rational use of African rice, *Oryza glaberrima*, in rice breeding through a 'contig line' concept. Euphytica, 1997. Vol.-96: -P.-31-39.
9. Gutierrez O.A., Stelly D.M., Saha S., Jenkins J.N., Jr McCarty J.C. Raska D.A., Scheffler B.E. Integrative placement and orientation of non-redundant SSR loci in cotton linkage groups by deficiency analysis // Mol Breeding -2009. - V.23. -P.693-707;

10. Horsnell R., Leigh F.J., Wright Tally I. C., Burrige Amanda J., Ligeza Aleksander, Przewieslik-Allen Alexandra M., Howell Ph., Uauy C., Edwards K.J., Bentley A.R. A wheat chromosome segment substitution line series supports characterization and use of progenitor genetic variation. *Plant Genome*, 2024; Vol.-17. P.-1-17
11. Khlestkina E.K., Than M.H.M., Pestsova E.G., Röder M.S., Malyshev S.V., Korzun V., Andreas Börner. Mapping of 99 new microsatellite-derived loci in rye (*Secale cereale* L.) including 39 expressed sequence tags. *Theoretical and Applied Genetics*, 2004. Vol.-109. P.-725–732
12. Korzun V., Malyshev S., Voylovkov A.V., Börner A. A genetic map of rye (*Secale cereale* L.) combining RFLP, isozyme, protein, microsatellite and gene loci. *Theoretical and Applied Genetics*, 2001, Vol.-102, P.-709–717.
13. Kuspira J., Urnau J. Genetic analyses of certain characters in common wheat using whole chromosome substitution lines. *Canadian journal of plant science*, 1957. Vol.-37. P.-300-326.
14. Law C.N., Worland A.J. Inter-varietal chromosome substitution lines in wheat — revisited. *Euphytica* 1996. Vol.-89. P.-1-10.
15. Loegering W.Q., Sears E.R. Relationships Among Stem-Rust Genes on Wheat Chromosomes 2B, 4B, and 6B. *Crop Science*, 1966. Vol.-6. -P-157-160.
16. Ma X.-F., Wanous M.K., Houchins M.A.K., Milla R., Goicoechea P.G., Wang Z. Xie M., Gustafson J.P. Molecular Linkage Mapping in Rye (*Secale cereale* L.) *Theoretical and Applied Genetics*, 2001, Vol.-102, P.-517–523.
17. Pestsova E., Ganai M.W., Röder M.S. Isolation and mapping of microsatellite markers specific for the D genome of bread wheat. *Genome*, 2000. Vol.-43, P.-689-697.
18. Redden R.J. Natural Outcrossing in Wheat Substitution Lines. *Australian Journal of Agricultural Research*, 1977. Vol.-28. P. 763 - 768
19. Reddy P.J., Dubey N., Harshal Avinashe, Swapnil Kalubarme, T. Naga Srinivasa Reddy. Development And Utilization Of Chromosome Substitution Lines (Csls). *European Journal of Molecular & Clinical Medicine* 2020, Vol.7; Issue 7; Pages 2411-2424.
20. Reinisch A.J., Dong J.M., Brubaker C.L., Stelly D.M., Wendel J.F., Paterson A.H. A Detailed RFLP Map of Cotton, *Gossypium hirsutum* X *Gossypium barbadense*: Chromosome Organization and Evolution in a Disomic Polyploid Genome. *Genetics*, 1994. Vol.-138. P.-829-847.
21. Röder S. M., Korzun V., Wendehake K., Plaschke J., Tixier M.-H., Leroy Ph., Gana M.W. A Microsatellite Map of Wheat. *Genetics* 1998. Vol.-149. P.-2007–2023
22. Sanamyan M.F., Pettyakova J., Rakhmatullina E.M., Sharipova E. «World Cotton Germplasm Resources». Chapter 10. «Cytogenetic Collection of Uzbekistan». – Intech. –Croatia. – 2014. - P. - 247-287.
23. Sears E.R., Nullisomic analysis in common wheat. *The American Naturalist*, 1953. Vol.-87, P.-245-252.
24. Silkova O.G., Dobrovolskaya O.B., Dubovets N.I., Adonina I.G., Kravtsova L.A., Roeder M.S., Salina E.A., Shchapova A.I., Shumny V.K. Production of Wheat-Rye Substitution Lines and Identification of Chromosome Composition of Karyotypes Using C-banding, GISH, and SSR Markers. *Russian Journal of Genetics*, 2006. Vol. 42, №. 6, P.-645–653.
25. Stelly D.M., Saha S., Raska D.A., Jenkins J.N., McCarty J.C., O.A.Gutierrez. Registration of 17 Upland (*Gossypium hirsutum*) Cotton Germplasm Lines Disomic for Different G. barbadense Chromosome or Arm Substitutions. *Crop Science Society of America Published in Crop Sci.* 2005. V.45. – P.-2663–2665
26. Subudhi P.K., Leon T., Singh P.K., Parco A., Cohn M.A., Sasaki T. . A Chromosome Segment Substitution Library of Weedy Rice for Genetic Dissection of Complex Agronomic and Domestication Traits. *PLOS ONE*. June 18, 2015. DOI: 10.1371/journal.pone.0130650
27. Ulloa M., Wang C., Saha S., Hutmacher R.B., Stelly D.M., Jenkins J.N. Burke J., Roberts P.A. Analysis of root-knot nematode and fusarium wilt disease resistance in cotton (*Gossypium* spp.) using chromosome substitution lines from two alien species. *Genetica*. - 2016. - V.144. - P.167–179.
28. Xu G., Deng K., Yu J., Li Q., Li L., Xiang A., Ling Y., Zhang Ch., Zhao F. Genetic Effects Analysis of QTLs for Rice Grain Size Based on CSSL-Z403 and Its Dissected Single and Dual-Segment Substitution Lines. *International Journal of Molecular Sciences*, 2023. Vol.-24. P.-1-15.
29. Yuan R., Usman B., Luo L., Liao S., Qin Y., Nawaz G., Li R. Development of Chromosome Segment Substitution Lines (CSSLs) Derived from Guangxi Wild Rice (*Oryza rufipogon* Griff.) under Rice (*Oryza sativa* L.) Background and the Identification of QTLs for Plant Architecture, Agronomic Traits and Cold Tolerance. *Genes (Basel)*. 2020 Aug 22; 11(9): 980. doi: 10.3390/genes11090980.
30. Zhang G.Q., Zeng R.Z., Zhang Z.M., Ding X.H., Li W.T., Liu G.M., He F.H., Tulukdar A., Huang C.F., Xi Z.Y., QIN L.J., Shi J.Q., Zhao F.M., Feng M.J., Shan Z.L., Chen L., Guo X.Q., Zhu H.T., Lu Y.G. The construction of a library of single segment substitution lines in rice (*Oryza sativa* L.). *Rice Genetics Newsletter*, 2004. Vol.-21. Chapter V. P.-85-86.
31. Абдукаримов Ш.С., Макамов А.Х., Дарманов М.М., Бобохужаев Ш.У., Санамьян М.Ф., Буриев З.Т. Ғўзанинг F₁ авлод моносомик дурагайларида нуқсонли хромосомаларни ДНК маркерлар ёрдамида идентификация қилиш. «Генетика, геномика ва биотехнологиянинг замонавий муаммолари», Респ. илмий анжумани. Тошкент. - 18 май 2018 йил. - 27-29 б.
32. Абдукаримов Ш.С., Макамов А.Х., Бобохужаев Ш.У., Санамьян М.Ф., Буриев З.Т. Ғўзанинг айрим моносомик дурагай F₁ авлодларида SSR маркерлар ёрдамида молекуллар таҳлили. НамДУ илмий ахборотномаси, 2019. №5. 109-115 б.
33. Бобохужаев Ш.У., Абдукаримов Ш.С., Санамьян М.Ф. Ғўзанинг хромосомаси-алмашган CS-B04_UZ линияси билан маҳаллий навларни SSR маркерлар асосида молекуллар-генетик ўрганиш. «Генетика, геномика ва

биотехнологиянинг замонавий муаммолари» Республика илмий анжуманининг тезислар тўплами. 16 май 2024 йил. 97-98 б.

34. Мақамов А.Х., Холмуродова М.М., Буриев З.Т., Абдурахмонов И.Ю., Бобохужаев Ш.У., Санамьян М.Ф. Ёўзанинг (*G.hirsutum* L.) F₁ моносомик дурагайларида йўқолган хромосомаларни ДНК маркерлари ёрдамида аниқлаш. Центр геномики и биоинформатики АН РУз, сборник тезисов Республиканской научной конференции современные «Проблемы генетики, геномики и биотехнологии» 18 мая 2017. - С.51-52.