

9-12-2018

EVALUATION OF AGRONOMIC TRAITS, INHERENT CHROMOSOME 16 OF COTTON RIL POPULATION

N.N Khusenov

Center for Genomics and Bioinformatics of the Academy of Sciences of the Republic of Uzbekistan,
naimhusenov@mail.ru

A.Kh Makamov

Center for Genomics and Bioinformatics of the Academy of Sciences of the Republic of Uzbekistan

M.M Darmanov

Center for Genomics and Bioinformatics of the Academy of Sciences of the Republic of Uzbekistan

O.S Turaev

Center for Genomics and Bioinformatics of the Academy of Sciences of the Republic of Uzbekistan

J.K Norbekov

Center for Genomics and Bioinformatics of the Academy of Sciences of the Republic of Uzbekistan

Follow this and additional works at: <https://uzjournals.edu.uz/gulduvestnik>



Part of the [Higher Education Administration Commons](#)

Recommended Citation

Khusenov, N.N; Makamov, A.Kh; Darmanov, M.M; Turaev, O.S; and Norbekov, J.K (2018) "EVALUATION OF AGRONOMIC TRAITS, INHERENT CHROMOSOME 16 OF COTTON RIL POPULATION," *Bulletin of Gulistan State University*. Vol. 2018 : Iss. 3 , Article 5.

Available at: <https://uzjournals.edu.uz/gulduvestnik/vol2018/iss3/5>

This Article is brought to you for free and open access by 2030 Uzbekistan Research Online. It has been accepted for inclusion in Bulletin of Gulistan State University by an authorized editor of 2030 Uzbekistan Research Online. For more information, please contact sh.erkinov@edu.uz.

**ҒЎЗАНИНГ 16-ХРОМОСОМАСИГА ХОС БЎЛГАН РИЛ ПОПУЛЯЦИЯСИДА АГРОНОМИК
КЎРСАТКИЧЛАРНИ БАҲОЛАШ**

Н.Н.Хусенов, А.Х.Макамов, О.С.Тураев, М.М.Дарманов, Ж.К.Норбеков, Э.Э.Хуршут,

И.Б.Салахутдинов, З.Т.Буриев, И.Ю.Абдурахмонов

ЎзР ФА Геномика ва биоинформатика маркази

E-mail: naimhusenov@mail.ru

Сўнги йилларда глобал температуранинг кўтарилиши ўсимликлар оламига ўзининг катта таъсирини кўрсатмоқда. Хусусан, сув танқислигининг ошиши, турли зараркунандалар (шира, трипс, тунги туллам, кўсак қурти, вилт касалликлари) таъсир майдонининг кенгайиши бутун дунё мамлакатларида ғўза ва бошқа хўжалик экинларидан олинадиган иқтисодий даромадга ўзининг салбий таъсирини ўтказмоқда.

Юртимиз иқтисодиётининг ялпи ички маҳсулотига қишлоқ жўжалик экинларидан ўзининг салмоқли улушига эга бўлган ғўзанинг қурғоқчилик, шўрхоқлик, турли зараркунанда ҳамда касалликларга, стрессларга чидамли, серҳосил ва тола сифатлари дунё тола бозорида рақобатбардош бўлган янги навларини яратиш бугунги кунда долзарб ҳисобланади.

Дунё пахта майдонининг 90 фоиздан ортиқ қисмида етиштириладиган ўрта толали ғўза (*G. hirsutum*) ўзининг серҳосиллиги билан аҳамиятли бўлсада (Zhang et al., 2005), лекин тола сифати кўрсаткичлари пастдир. Ғўзанинг ушбу турини анъанавий селекция усуллари ёрдамида такомиллаштиришда дунё олимлари ғўзанинг бошқа турларидан кенг фойдаланади. Хусусан, селекционер олимлар тола сифатини оширишда ингичка толали *G. barbadense*, қурғоқчилик ва сўрувчи зараркунандаларга чидамлилигини оширишда *G. mustelinum* ва *G. tomentosum*, шўрхоқлик ва вилт касалликларига бардошлиликни ўтказишда *G. darwinii*, *G. hirsutum ssp. mexicanum* (Yucatan) ҳамда *G. hirsutum* тур ости вакиллари *ssp. mexicanum var. nervosum*, *punctatum*, *palmeri*, *marie-galante* (Abdullaev et al., 2009) каби ғўза турларидан турлараро дурагайлаш йўли билан фойдаланиб келишган.

Аммо тўлиқ геномга асосланган ушбу турлараро дурагайлашда ўрта толали ғўза туридан ирсий жиҳатдан узоқ бўлган ёввойи турларнинг кўпгина салбий белгилари дурагай ўсимликларда ўзининг устунлигини намоён этиш билан бирга ҳар хил геномлар ўртасидаги номувофиқликлар туфайли авлодларда бепуштлиқ ходисасининг кузатилиши ва салбий белгиларнинг доминантлиги каби муаммолар янги линия ҳамда навлар яратиш селекция жараёни мураккаблаштиради. Ушбу қийинчиликларни бартараф қилишда ғўзанинг хромосомаси алмаштирилган линиялари энг қулай восита ҳисобланади (Saha et al., 2004). Ғўзанинг хромосомаси алмаштирилган линиялари ўзида бошқа ғўза турларининг бир жуфт хромосомаси ёки уларнинг бир жуфт бўлақларини тутганлиги билан ўша турларга хос белги хусусиятларга эга бўлиб, кўпгина салбий белгилардан холи ҳисобланади.

Ингичка толали (*G. barbadense*) 3-79 линиянинг 2, 6, 16, 18, 5sh, 22Lo (узун елка) and 22sh (қалта елка) хромосомалари ўрта толали ғўзанинг (*G. hirsutum*) ТМ-1 линиясига ўтказилиши натижасида олинган хромосомаси алмаштирилган линияларда тола чиқими она ўсимлик бўлган ТМ-1 линиясига нисбатан 2-6% гача ошган бўлса, 14sh, 15sh, ва 25- хромосомаси алмаштирилган линияларда тола узунлигининг ошганлиги аниқланди (Saha et al., 2004). Шунингдек, ушбу линияларни ғўза экинига катта иқтисодий талофат келтирадиган илдиз бўртиш ва вилт касаллигига чидамлилиги текширилганда, 11, 16 ва 17- хромосомаси алмаштирилган линиялар мазкур касалликларга чидамли бўлган локус/генларга бой линиялар эканлиги аниқланди (Ulloa et al., 2016).

Ўзида нафақат юқори тола сифатига алоқадор хусусиятларни балки агрономик ва касалликларга чидамлилик хусусиятларни тутган хромосомаси алмаштирилган линиялардан фойдаланиб хариталаштириладиган рекомбинант инбред линиялар (РИЛ) популяцияларини яратиш мумкин. Шуни инобатга олиб, хромосомаси алмаштирилган CS-B16 линияси билан маҳаллий Ан-Боёвут-2 навини дурагайлаб, қимматли хўжалик белгиларни хариталашда муҳим бўлган РИЛ популяцияси ягона аждод ўсимлик уруғидан келиб чиқиш (SSD-single seed descent method) усулидан фойдаланиб яратилди. Ушбу популяция линияларида бир дона кўсакдаги пахтанинг оғирлиги, толанинг штапел вазн узунлиги, тола чиқими ва 1000 та чигит вазни каби агрономик белгилани таҳлил қилиш мазкур тадқиқотнинг асосий мақсади ҳисобланади.

Тадқиқот объекти ва қўлланиладиган методлар

Ушбу тадқиқотда бошланғич материаллар сифатида хромосомаси алмаштирилган CS-B16 линия, Ан-Боёвут-2 нави ва улар иштирокида олинган 50 та РИЛдан иборат бўлган популяция ишлатилди. Хромосомаси алмаштирилган CS-B16 линия ўзида *G.barbadense L.* ғўза туридан алмаштирилган 16-хромосомага эга бўлиб, ўрта толали ТМ-1 линияси асосида яратилган (Stelly et al., 2005). Шунинг сабабли, ТМ-1 линиясидан мазкур тадқиқотда назорат линия сифатида фойдаланилди. Ан-Боёвут-2 ғўза нави юртимиз пахта дала майдонларида кенг етиштириладиган навлардан бири ҳисобланади.

Ўзанинг РИЛ популяцияси Ан-Боёвут-2 ғўза нави билан CS-B16 линияни частиштирилишидан олинган (F₂) иккинчи авлод дурагайларидан ягона ажод уруғдан келиб чиқиш усули ёрдамида яратилган. РИЛ популяцияси ва уларнинг ота-она намуналари алоҳида беш метрли делянкаларга 90×15×1 схемада экилди. Шунингдек, тажриба якунида анъанавий селекция усулларида фойдаланиб ҳар бир РИЛ ва уларнинг ота-она намуналаридан агрономик кўрсаткичларни баҳолаш учун 50 донадан кўсак пахтаси йиғиб олинди, уларда умумий оғирлик, 1 дона кўсак оғирлиги, толанинг штапел вазн узунлиги, тола чиқими ва 1000 та чигит вазни ҳисоблаб чиқилди. Лаборатория анализлари натижасида олинган маълумотларни бошланғич таҳлиллаш ишлари "*R statistical*" дастурининг "*Fuzzy C-Means Clustering*" усули ёрдамида амалга оширилди.

Олинган натижалар ва уларнинг таҳлили

Мазкур тадқиқотда 16-хромосома РИЛ популяциясининг ҳар бир линия кўчатзорларидан 50 донадан кўсак пахтаси йиғиб олинди, уларнинг умумий оғирлиги, бир дона кўсакдаги пахтанинг оғирлиги, толанинг штапел вазн узунлиги, тола чиқими ва 1000 та чигит вазни ўлчаб чиқилди (1-жадвал).

Ўрганилган агрономик белгилар бўйича РИЛ популяцияси ва уларнинг ота-она генотиплари орасида мавжуд фарқликлар диаграмма шаклида намоён этилди. Жумладан, бир дона кўсакдаги пахтанинг оғирлиги бўйича РИЛ популяцияси ва уларнинг ота-она генотиплари ўртасида сезиларли фарқ кузатилмаган бўлсада, аммо популяцияда ўзгарувчанлик кўлами 5,0 - 7,8 граммни ташкил этди.

Шунингдек, 1000 та чигит вазни РИЛ популяцияси намуналарида ўртача 119,3 граммга тенг бўлганда, Ан-Боёвут-2 навида 109,0 грамм, ТМ-1 линияда 133,0 грамм ва CS-B16 линияда 120,5 граммни ташкил этди. Ушбу белги бўйича РИЛ популяциялари Ан-Боёвут-2 навига нисбатан ўртача 10,3 граммгача ошганлиги аниқланди. Тола узунлиги белгиси бўйича РИЛ популяциясининг ўртача кўрсаткичи ота-она генотиплари ва назорат ТМ-1 линиясига нисбатан сезиларли даражада фарқлидир. РИЛ популяциясининг ўртача тола узунлиги 33,5 мм.га (29,8-38,4 мм) тенг бўлиб, Ан-Боёвут-2 нави ва ТМ-1 линиясида 29,8 ва 26,6 мм.га ҳамда CS-B16 линиясида 33,1 мм.ни ташкил этди. Популяцияда тола узунлиги кўрсаткичини яхшиланишида CS-B16 линиядаги ингичка толали ғўзага хос бўлган 16-хромосоманинг ижобий таъсири натижаси бўлиши мумкин. Пахтачилик соҳасида муҳим агрономик кўрсаткичларидан бири саналган тола чиқими РИЛ популяцияси намуналарида Ан-Боёвут-2 нави, ТМ-1 ва CS-B16 линияларига нисбатан сезиларли даражада ортганлиги кузатилди. Популяцияда ўртача тола чиқими кўрсаткичи 38,0%ни ташкил этиб, ушбу белги CS-B16 линияси ва Ан-Боёвут-2 нави нисбатан 1-3%га ортганлиги намоён бўлди (1-расм). АҚШ олимлари томонидан ўзида ингичка толали ғўзанинг бир жуфт хромосомаси ёки унинг бўлақларини тутган хромосомаси алмаштирилган линияларни агрономик белгиларга таъсирини ўрганишга бағишланган тадқиқотларда 16-хромосомаси алмаштирилган CS-B16 линияси тола чиқими ва тола узунлигини ортишига ижобий таъсир этганлиги кўрсатиб берилган (Jenkins et al., 2006).

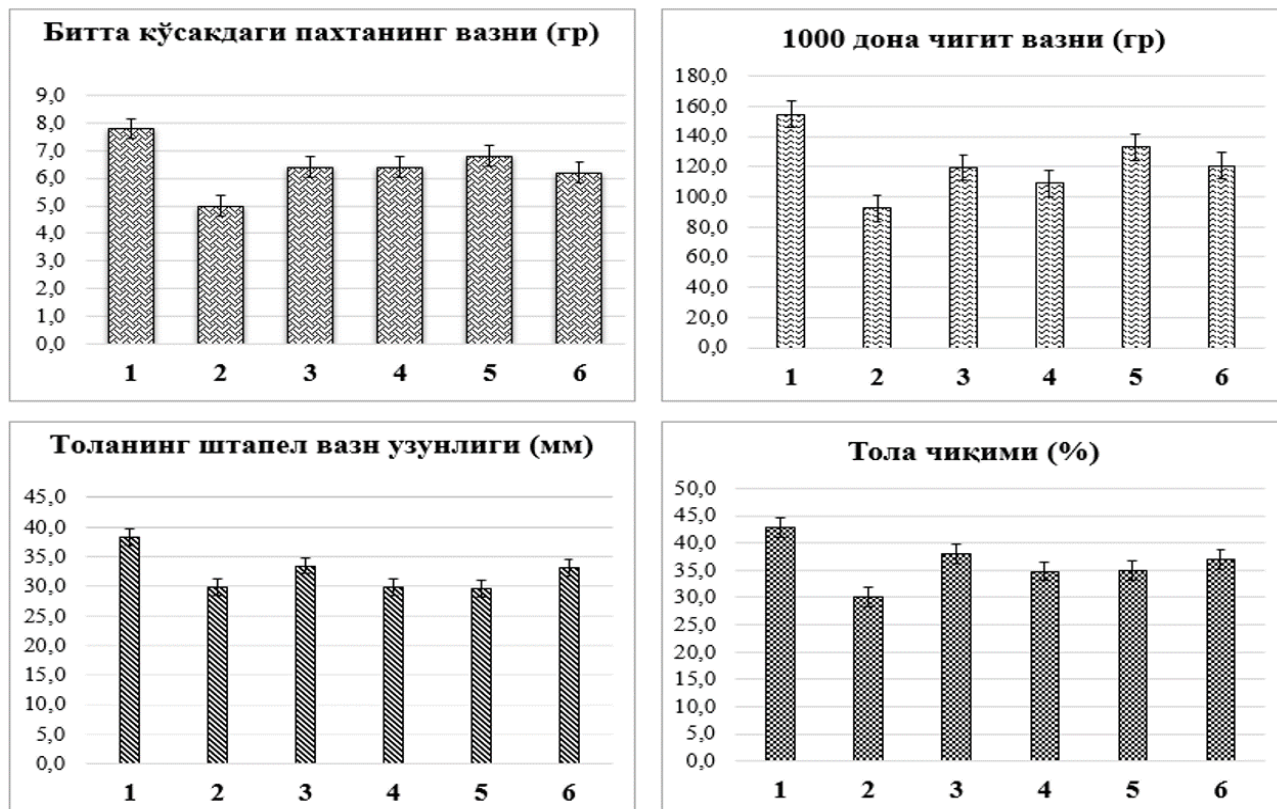
1-жадвал

РИЛ популяцияси ва уларнинг ота-она намуналарида миқдорий кўрсаткичлар

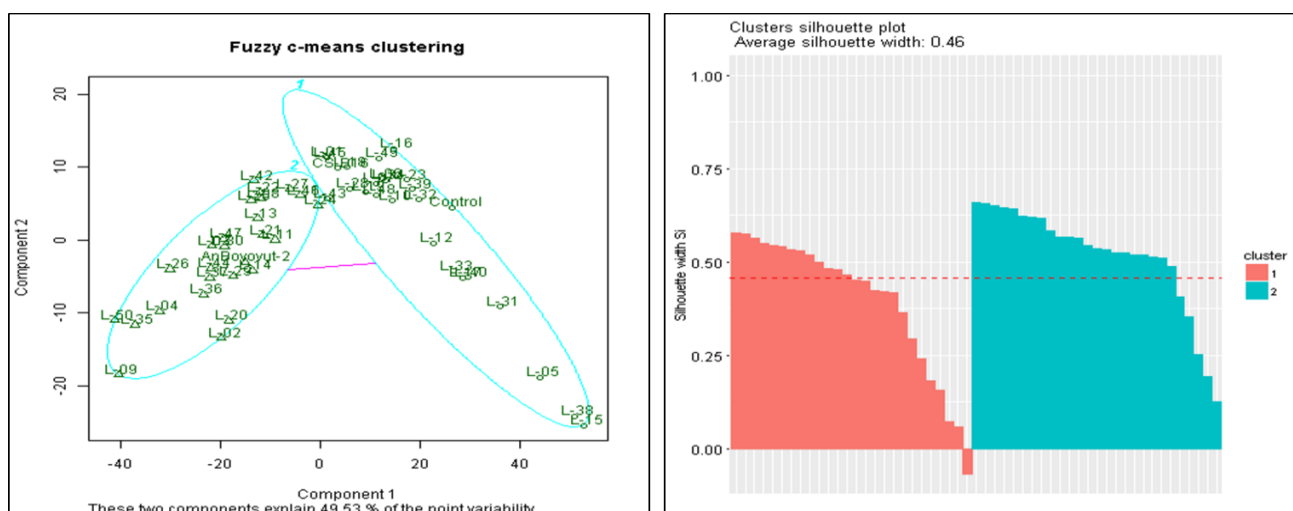
Намуна	Бир дона кўсакдаги пахтанинг оғирлиги (г)	1000 та чигит вазни (г)	Толанинг штапел вазн узунлиги (мм)	Тола чиқими (%)
CS-B16 РИЛ юқори	7,8	155,0	38,4	42,9
CS-B16 РИЛ паст	5,0	93,0	29,8	30,1
CS-B16 РИЛ ўртача	6,4	119,3	33,5	38,0
CS-B16	6.2	121,0	33,0	37,0

Ан-Боёвут-2	6.4	109,0	30,0	35,0
ТМ-1	6.8	133,0	30,0	35,0

Бундан ташқари олинган барча агрономик маълумотлар "R statistic" дастурининг "Fuzzy C-Means Clustering" усули ёрдамида таҳлил қилинганда, РИЛ популяция ва унинг ота-она генотиплари икки кластер гуруҳга ажралди.



1-расм. Агрономик кўрсаткичларнинг қиссий таҳлили : 1 - CS-B16 РИЛ юқори; 2 - CS-B16 РИЛ паст; 3 - CS-B16 РИЛ ўртача; 4 - Ан-Боёвут-2; 5 - ТМ-1; 6 - CS-B16.



2-расм. CS-B16 линия, Ан-Боёвут-2 нави ва улар иштирокида олинган 50 та РИЛ популяцияси "R statistical" дастурининг "Fuzzy C-Means Clustering" усули ёрдамида олинган натижалар.

Шунингдек, ушбу сатистик таҳлил РИЛ популяция орасидан барча ўрганилган агрономик белгилари бўйича иқтисодий аҳамиятга эга бўлган линияларни танлаш имкониятини беради. Хусусан, биринчи кластер гуруҳидан Л-15, 38, 5, 31, 17, 33, 12, 40 ва иккинчи кластер гуруҳидан эса Л-9, 2, 20, 50, 35 линиялар агрономик белгилари бўйича ота-она генотипларига нисбатан сезиларли даражада яхшиланганлигини намоён этган. Мазкур линиялар ғўзанинг янги навларини яратишда ва селекцион тадқиқотларни олиб боришда қимматли материаллар бўлиб хизмат қилади.

Хулоса

Олинган тадқиқот натижалари шуни кўрсатдики, 16-хромосомаси алмаштирилган CS-B16 линия асосида олинган РИЛ популяциясида толанинг чиқими ва узунлиги ота-она генотипларига ҳамда нозорат ТМ-1линияга нисбатан ортган. Айниқса, Л-15, 38, 5, 31, 17, 33, 12, 40 линияларининг 1 дона кўсак оғирлиги, толанинг штапел вазн узунлиги ва 1000 та чигит вазни жуда ҳам яхши кўсаткичларни намоён этган бўлса, Л-9, 2, 20, 50, 35 линиялари эса тола чиқими сезиларли даражада ортганлигини айтиб ўтиш жоиз. Хулоса ўрнида шуни айтиш ўринлики, хромосомаси алмаштирилган линияларни агрономик кўрсаткичларни яхшилашда қимматли манба сифатида селекцион дастурларда қўлаб, келажакда толаси узун ҳамда тола чиқими юқори бўлган янги навларни яратиш мумкин.

Адабиётлар рўйхати:

1. Abdullaev A.A., Klyat V.P. & Rizaeva C.M. Cotton Introduction in Uzbekistan History and Perspectives of Using of Plant Introduction: Problems and Perspectives.// Proceedings of 4th National scientific-applied conference, 2009.- pp. 59-61, Tashkent, Uzbekistan, July 3-4, 2009 (in Russian).
2. Jenkins J., Wu J., McCarty J., Saha S., Gutierrez O., Hayes R. & Stelly D. Genetic effects of thirteen *Gossypium barbadense* L. chromosome substitution lines with Upland cotton cultivars: I. Yield and yield component. //Crop Science, 2006.- Vol.46, No.3.- pp. 1169-1178.
3. Saha S., Wu J., Jenkins J., McCarty J., Stelly D., Percy R., Raska D. & Gutierrez O. Effect of chromosome substitutions from *Gossypium barbadense* L. 3-79 into *G. hirsutum* L. TM-1 on agronomic and fiber traits.// Journal of Cotton Science, 2004.- Vol.8, No.3, (Jul-Aug-Sep 2004). - pp. 162-169.
4. Stelly D., Saha S., Raska D., Jenkins J., McCarty J. & Gutierrez O. Registration of 17 Upland (*Gossypium hirsutum*) germplasm lines disomic for different *G. barbadense* chromosome or arm substitutions.//Crop Science, 2005.- Vol.45, No.6, (November-December).- pp. 2663-2665.
5. 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.- pp 1 -13.
6. Zhang J., Lu Y., Cantrell R. G. , Hughs E. Molecular marker diversity and field performance in commercial cotton cultivars evaluated in the southwest USA. //Crop Sci, 2006. 45 - pp.1483–1490

Аннотация

ҒЎЗАНИНГ 16-ХРОМОСОМАСИГА ХОС БЎЛГАН РИЛ ПОПУЛЯЦИЯСИДА АГРОНОМИК КЎРСАТКИЧЛАРНИ БАҲОЛАШ

Н.Н.Хусенов, А.Х.Макамов, О.С.Тураев, М.М.Дарманов, Ж.К.Норбеков, Э.Э.Хуршут,
И.Б.Салахутдинов, З.Т.Буриев, И.Ю.Абдурахмонов

Мақолада ғўзанинг РИЛ популяциясида бир дона кўсадаги пахтаинг оғирлиги, толанинг штапел вазн узунлиги, тола чиқими ва 1000 та чигит вазни каби агрономик белгиларнинг ота-она ўсимликларига нисбатан қиёсий натижалари ёритиб берилган. Тадқиқот натижасида толанинг штапел вазн узунлиги ва чиқими ота-она генотипларига нисбатан сезиларли даражада фарқланиши аниқланди.

Таянч сўзлар: *G.barbadense*, *G.hirsutum*, РИЛ популяцияси, SSR-маркерлари, CS-B16 линияси, TM-1 линияси.

Аннотация

**ОЦЕНКА АГРОНОМИЧЕСКИХ ПРИЗНАКОВ, ОПРЕДЕЛЯЕМЫХ 16-ХРОМОСОМОЙ,
В РИЛ - ПОПУЛЯЦИИ ХЛОПЧАТНИКА**

Н.Н.Хусенов, А.Х.Макамов, О.С.Тураев, М.М.Дарманов, Ж.К.Норбеков, Э.Э.Хуршут,
И.Б.Салахутдинов, З.Т.Буриев, И.Ю.Абдурахмонов

В настоящей статье приведены данные по оценке агрономических признаков РИЛ –популяции хлопчатника в сравнении с родительскими генотипами по таким параметрам, как вес одной коробочки, длина волокна, выход волокна и вес 1000 семян. Исследования показали, что в РИЛ- популяции показатели длины волокна и выхода волокна значительно отличаются от таковых у родительских форм.

Ключевые слова: *G.barbadense*, *G.hirsutum*, РИЛ популяции, SSR-маркеры, линия CS-B16, линия TM-1.

Summary

**EVALUATION OF AGRONOMIC TRAITS, INHERENT CHROMOSOME 16 OF COTTON RIL
POPULATION**

Khusenov N.N., Makamov A.Kh., Darmanov M.M., Turaev O.S., Norbekov J.K., Khurshut.E.E.
Salakhudinov I.B., Buriev Z.T., Abdurakhmonov I.Y.

The comparison results of agronomic traits such as boll weight, fiber length, lint percentage and 1000 seed weight between cotton RIL population and its parental genotypes were described. Studies have shown that in the RIL population parameters of the fiber length and lint percentage significantly different from those of the parental genotypes.

Key words: *G.barbadense*, *G.hirsutum*, RIL population, SSR-markers, CS-B16 line, TM-1 line.