

Норбеков Журабек Кушбокович
ЎзР ФА Геномика ва биоинформатика маркази. Лаборатория мудири. PhD
Тел: +9989 94 471 57 89 e-mail: jurabeknorbekov1@gmail.com
Хусенов Наим Нутфуллаевич
ЎзР ФА Геномика ва биоинформатика маркази. Бўлим бошлиғи. PhD
Бойқобилов Умид Абдурахмон ўғли
ЎзР ФА Геномика ва биоинформатика маркази. Кичик илмий ходим
Нормаматов Илёс Сулаймонович
ЎзР ФА Геномика ва биоинформатика маркази. Кичик илмий ходим
Мухаммадалиев Равшанбек Иқболжон ўғли
ЎзР ФА Геномика ва биоинформатика маркази. Таянч докторант (PhD)
Маманазаров Шарофиддин Имомқулович
ЎзР ФА Геномика ва биоинформатика маркази. Кичик илмий ходим
Холмуродова Мафтуна Махмуджановна
ЎзР ФА Геномика ва биоинформатика маркази. Кичик илмий ходим
Нарматов Сардор Эсиргапович
ЎзР ФА Геномика ва биоинформатика маркази. Кичик илмий ходим
Макамов Абдусалом Хасанбоевич
ЎзР ФА Геномика ва биоинформатика маркази. Лаборатория мудири. PhD

УДК - 575.113.12: 577.21

SSR-МАРКЕРЛАР ЁРДАМИДА ЎЗБЕКИСТОН СЕЛЕКЦИЯСИГА МАНСУБ БУҒДОЙ НАВЛАРИДА ГЕНЕТИК ТАҲЛИЛИАР ОЛИБ БОРИШ

Аннотация

Дунё аҳолини озиқ-овқатга бўлган эhtiёжини қондиришда юмшоқ буғдой асосий экин тури ҳисобланади. Шу боис, ушби буғдой навларининг генетик хилма-хиллигини ўрганиш, уларнинг генетик паспортини ишлаб чиқиш орқали навларнинг бир-бирига ўхшашлиги олдини олишга ва селекцион хилма-хилликни оширишга эришилади. Мазкур тадқиқотда буғдой намуналарининг навлараро генетик хилма-хиллиги, филогенетик муносабатлари ва локуслардаги аллеллар сони каби белгилари ўрганилди. Бундан ташқари, ноёб аллелларга эга маркерлар тўплами аниқланиб, ушбу маркерлар иштирокида навларнинг генетик паспорти ишлаб чиқилди. Генетик паспортлашда фойдаланилган SSR-маркерларни бошқа буғдой навларидаги полиморфизм ҳолати ўрганилди. Натижада, BARC181, WMC522, WMC407, WMS18, CFA2201, WMS294, CFD76, WMC73,

WMC486, CFA220, WMC314 ва WMS495 праймерлари ўзбек буғдой навларининг генетик полиморфизмини аниқлашда ишончли SSR-маркерлар эканлиги тасдиқланди.

Калит сўзлар: Буғдой, *Triticum aestivum* L., SSR-маркер, генетик хилма-хиллик, кластер таҳлили

Норбеков Журабек Кушбокович
Центр геномики и биоинформатики Академии наук Республики
Узбекистан. Заведующий лабораторией
Тел: +9989 94 471 57 89 e-mail: jurabeknorbekov1@gmail.com
Хусенов Наим Нутфуллаевич
Центр геномики и биоинформатики Академии наук Республики
Узбекистан. Глава отделения
Бойкобилов Умид Абдурахмон угли
Центр геномики и биоинформатики Академии наук Республики
Узбекистан. Младший научный сотрудник
Нормаматов Ильёс Сулаймонович
Центр геномики и биоинформатики Академии наук Республики
Узбекистан. Младший научный сотрудник
Мухаммадалиев Равшанбек Икболжон угли
Центр геномики и биоинформатики Академии наук Республики
Узбекистан. (PhD) Докторант
Маманазаров Шарофиддин Имомкулович
Центр геномики и биоинформатики Академии наук Республики
Узбекистан. Младший научный сотрудник
Холмуродова Мафтуна Махмуджановна
Центр геномики и биоинформатики Академии наук Республики
Узбекистан. Младший научный сотрудник
Нарматов Сардор Эсиргапович
Центр геномики и биоинформатики Академии наук Республики
Узбекистан. Младший научный сотрудник
Макамов Абдусалом Хасанбоевич
Центр геномики и биоинформатики Академии наук Республики
Узбекистан. Заведующий лабораторией

ГЕНЕТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ СОРТОВ ПШЕНИЦЫ УЗБЕКИСТАНСКОЙ СЕЛЕКЦИИ С ПОМОЩЬЮ SSR –МАРКЕРОВ

Аннотация

Мягкая пшеница является основной сельскохозяйственной культурой, обеспечивающей продовольственные потребности населения мира. Следовательно, изучая генетическое разнообразие этих сортов пшеницы,

разрабатывая их генетический паспорт, можно предотвратить сходства сортов и повысить селекционное разнообразие. В данном исследовании были изучены такие характеристики, как межсортовое генетическое разнообразие, филогенетические взаимоотношения и количество аллелей в локусах образцов пшеницы. Кроме того, определен набор маркеров с уникальными аллелями и разработан генетический паспорт сортов с участием этих маркеров. Изучен статус полиморфизма SSR-маркеров, используемых при генетическом паспортировании других сортов пшеницы. В результате подтверждено, что праймеры BARC181, WMC522, WMC407, WMS18, CFA2201, WMS294, CFD76, WMC73, WMC486, CFA220, WMC314 и WMS495 являются надежными SSR-маркерами для определения генетического полиморфизма сортов пшеницы Узбекистана.

Ключевые слова: Пшеница, *Triticum aestivum* L., SSR-маркеры, генетическое разнообразие, кластерный анализ.

Norbekov Jurabek Kushbokovich
Center of Genomics and Bioinformatics of the Academy of Sciences of the
Republic of Uzbekistan. Laboratory Chief
Tel: +9989 94 471 57 89 e-mail: jurabeknorbekov1@gmail.com
Khusenov Naim Nutfullayevich
Center of Genomics and Bioinformatics of the Academy of Sciences of the
Republic of Uzbekistan. Department Head
Boykobilov Umid Abdurakhmon ugli
Center of Genomics and Bioinformatics of the Academy of Sciences of the
Republic of Uzbekistan. Junior Researcher
Normamatov Ilyos Sulaymonovich
Center of Genomics and Bioinformatics of the Academy of Sciences of the
Republic of Uzbekistan. Junior Researcher
Mukhammadaliev Ravshanbek Ikboljon ugli
Center of Genomics and Bioinformatics of the Academy of Sciences of the
Republic of Uzbekistan. (PhD) Doctoral student
Mamanazarov Sharofiddin Imomkulovich
Center of Genomics and Bioinformatics of the Academy of Sciences of the
Republic of Uzbekistan. Junior Researcher
Kholmuradova Maftuna Makhmudjanovna
Center of Genomics and Bioinformatics of the Academy of Sciences of the
Republic of Uzbekistan. Junior Researcher
Narmatov Sardor Esirgapovich
Center of Genomics and Bioinformatics of the Academy of Sciences of the

Republic of Uzbekistan. Junior Researcher
Makamov Abdusalom Khasanboevich
Center of Genomics and Bioinformatics of the Academy of Sciences of the
Republic of Uzbekistan. Laboratory Chief

GENETIC ASSESSMENT OF UZBEK WHEAT VARIETIES USING SSR MARKERS

Annotation

Wheat is the main agricultural crop to provide the food needs of the people. Therefore, studying the genetic diversity of wheat varieties and developing their genetic passport will help prevent similarities between varieties and enhance breeding diversity. This study investigated the inter-varietal genetic diversity of wheat samples, their phylogenetic relationships, and characteristics such as the number of alleles at loci. In addition, a set of markers with unique alleles was identified, and a genetic passport for the varieties was developed using these markers. The polymorphism status of SSR markers used in genetic passporting was studied in other wheat varieties. As a result, the primers BARC181, WMC522, WMC407, WMS18, CFA2201, WMS294, CFD76, WMC73, WMC486, CFA220, WMC314, and WMS495 were confirmed to be reliable SSR markers for detecting genetic polymorphism in Uzbek wheat varieties.

Keywords: Wheat, *Triticum aestivum* L., SSR markers, genetic diversity, cluster analysis.

Кириш

Узоқ йиллар давомида инсонларни озиқ-овқатга бўлган эҳтиёжларини қондириш мақсадида қишлоқ хўжалиги экинларини маълум бир белгилар бўйича танлов қилиш генетик хилма-хилликни торайишига олиб келди [8]. Шу сабабли, гермоплазма намуналарини замонавий геном технологиялари ёрдамида генетик жихатдан тадқиқ қилиш, улар ўртасидаги хилма-хилликни аниқлаш имкониятини беради. Хусусан, ДНК-маркерлари биологик тадқиқотларда қўлланилиши ўрганилаётган организмнинг генетик хилма-хиллигини аниқлашда ва қимматли хўжалик белгиларини тадқиқ этишда муҳим аҳамият касб этади.

Ҳозирда, молекуляр маркерлар ичида мавжуд ўсимлик турларини таҳлил қилиш, кўп аллеллик хусусиятини ўрганиш, белгиларни наслдан-наслга ирсийланишида назорат қилиш ва ўсимликдаги ўзгарувчанликни аниқлашда бутун геномнинг кенг ҳудудини қамраб олган SSR (Simple Sequence Repeats ёки микросателлит) маркерларининг ўрни катта [9]. Микросателлит маркерлар юқори полиморфик эканлиги билан ҳамда аниқлик даражасининг юқорилиги билан тадқиқотчилар томонидан юксак баҳоланиб келинган [4]. Генетик хилма-хилликни ўрганиш юқори стабиллиги сабаб уларни генетик маркерлашда, популяцион тадқиқотларда ва ҳаттоки геном дактилоскопияси (бармоқ изи) усулидан фойдаланиб шахснинг идентификациясида фойдаланилиши мумкин [6]. SSR-маркерлар ёрдамида бутун қишлоқ хўжалик экинларини жумладан, буғдой навларини ҳам генетик идентификация қилишда кенг қўлланилмоқда [1].

Буғдойнинг *Triticum aestivum* L., тури AABBDD геном формуласи билан ягона аллогексаплоид ҳисобланади [10]. Буғдойнинг бутун геном ҳудуди ўрганиб чиқилган ҳамда ўрганилган геном ҳудудларга мос молекуляр маркерлар тузилиб, маълумотлар базасига киритилган ҳамда амалиётга жорий этилган. Ушбу маркерлар орқали буғдой намуналарининг белги ва хусусиятларни идентификация қилинишида [13], уларнинг қимматли хўжалик белгиларини ўрганишда [14] ҳамда географик келиб чиқишига қараб генетик хилма-хиллигини баҳолашда кенг қўлланиб келинган [7].

Буғдой навларининг наводорлик хусусияти, уларнинг морфо-биологик ва сифат кўрсаткичларига таҳлил қилиш орқали аниқланади. Бироқ, ушбу хусусиятлар атроф-муҳит таъсири натижасида ўзгаради, натижада фенотипик ўзгаришлар авлоддан-авлодга мерос бўлмайди [18]. Шу сабабли буғдой навларини молекуляр даражасда идентификация қилиш, уларни ташқи муҳитга боғлиқ бўлмаган ҳолда генетик жиҳатдан тез аниқлаш имконини беради. Микросателлит SSR-маркерлар қисқа такрорланувчи кетма-кетликлар бўлиб, улар маълум бир ҳудудда такрорланиш сонида фарқ қилиши мумкин [17]. SSR-маркерлар жуда кўп афзалликларга эга бўлиб,

хусусан, ко-доминантлилиги, аллеллар сонининг кўплиги, бутун геном бўйлаб тарқалганлиги ҳамда технологиянинг автоматлаштирганлиги билан бошқа маркерларга нисбатан ажралиб туради [15]. Сўнгги бир неча йиллар давомида SSR-маркерлар генетик хилма-хилликни таҳлил қилишда [3], турларни аниқлашда [16], ота-она намуналарини баҳолашда [12] ва генетик хариталашда [11] кенг қўлланилган. Ушбу тадқиқотда ҳам буғдой навларини генетик жиҳатдан тадқиқ қилишда айнан SSR-маркерлар асосида амалга оширилди.

Материал ва услублар

Тадқиқот объекти сифатида Ўзбекистон Республикаси қишлоқ хўжалигининг Давлат реестрига киритилган 32 та маҳаллий юмшоқ буғдой (*Triticum aestivum* L.) навлари олинди. Буғдой баргидан геном ДНК ажратиш СТАВ (cetriltrimethylammonium bromide) услули ёрдамида амалга оширилди [5]. Молекуляр тадқиқотлар учун гексаплоид буғдой хромасомаларида жойлашув ўрни маълум бўлган 144 та SSR маркерлар танлаб олинди. Полимераза занжир реакцияси (ПЗР) таҳлили *hot-start of wheat* [1] дастуридан фойдаланиб амалга оширилди. Олинган маълумотларни генотиплаш *GelAnalyzer* дастурида олиб борилди. Тадқиқотда фойдаланилган SSR-маркерларнинг полиморфизми PIC (Polymorphic information content) ва HE (Heterozygosity) гетерозиготалик [2] ҳолатлари таҳлил қилинди. Тадқиқот давомида тўпланган барча маълумотларни статистик таҳлиллари MEGA.X дастурининг UPGMA пакети ва NCSS 2022 дастурининг Clustered heat maps пакетларидан фойдаланилди.

Тадқиқот натижаси

Тадқиқот учун танланган намуналар ўртасидаги генетик полиморфизмни аниқлаш мақсадида SSR-маркерлар тўпламидан 144 жуфт праймерлари иштирокида ПЗР-таҳлиллари амалга оширилди.

1-жадвал

Тадқиқот учун танланган маркерлар тўплами ва улар ёрдамида амплификацияланган аллеллар миқдори

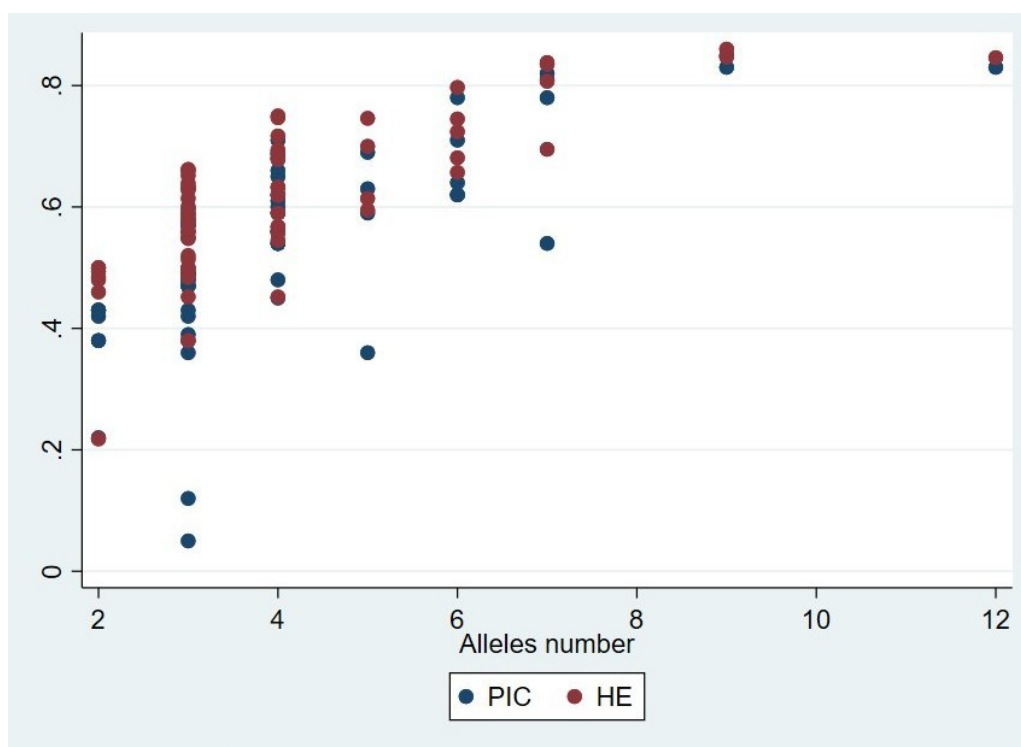
SSR- маркерлар	Жами маркерлар	Амплификацияг а бўлмаган ёки реаксия кетмаган маркерлар	Амплифи- кация бўлган маркерлар	Полиморф маркерлар	Мономорф маркерлар	Тўплам бўйича аллеллар
BARC	25	1	24	16	8	55
GDM	3	0	3	2	1	5
CFA	4	0	4	4	0	17
CFD	7	0	7	5	2	16
GPW	5	0	5	5	0	16
PSP	1	0	1	1	0	3
WMC	45	22	23	17	6	91
WMS	54	24	30	16	14	64
Жами	144	47	97	66	31	267

ПЗР маълумотларини генотиплашда *GelAnalyzer* дастуридан фойдаланилди. Генотиплаш натижаларига кўра, жами 144 та микросателлит маркерлар 97 таси тўлиқ амплификацияга бўлганлиги аниқланди. Қолган 47 та микросателлит маркерлар эса ПЗР таҳлиллари қайта текшириш жараёнида ҳам давомида тўлиқ ёки қисман амплификацияга эга бўлмаганлиги (50 фоиздан ошмаганлиги) сабабли тадқиқотдан чиқариб ташланди (1-жадвал).

Бугунги кунда молекуляр маркерлар ўсимликларни идентификация қилишда самарали ҳамда ишончли воситага айланиб бормоқда. ДНК маркерлари орқали туричи ва турлараро генетик хилма-хиллик баҳоланади ва тавсифланади. Маркер турлари уларнинг маълумот таркибининг ўлчовига (яъни катта, кичиклигига) нисбатан ажратилади. Бу эса, ўз навбатида, уларнинг полиморфизм даражасига боғлиқдир.

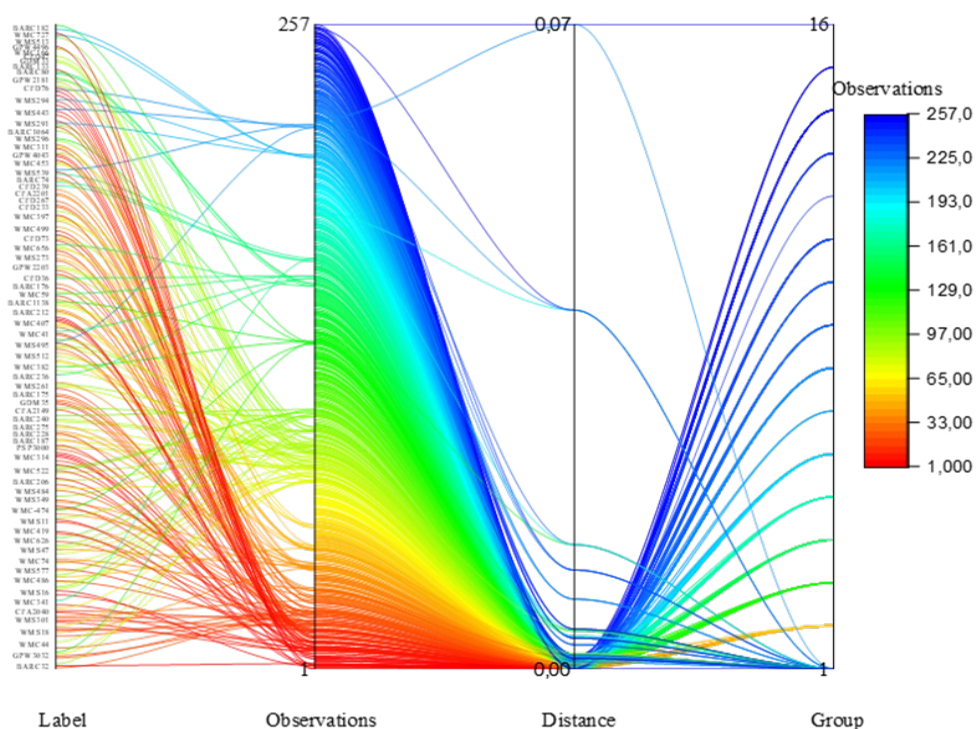
Полиморфизм ва гетерозиготалик ҳолатини ўрганиш, одатда ДНК маркерининг намуналар керакли локусдаги аллеллар сонини аниқлаш орқали амалга оширилади. Маркернинг фойдали эканлиги намуналардаги аллеллар сонига ва уларнинг нисбий частоталарига боғлиқ. Ушбу тадқиқотда буғдой навларини туричи даражасида молекуляр баҳолашда PIC, HE ва NE (number of effective alleles-самарали аллеллар сони) каби баъзи қийматлари аниқланди.

**Аллеллар сони, полиморфизм ахборот таркиби (PIC), (HE)
гетерозиготалик (PIC га асосан танлаб олинган)**



1–расм. Маркерлар полиморфизми билан локусдаги аллеллар сонининг ўзаро боғлиқлиги

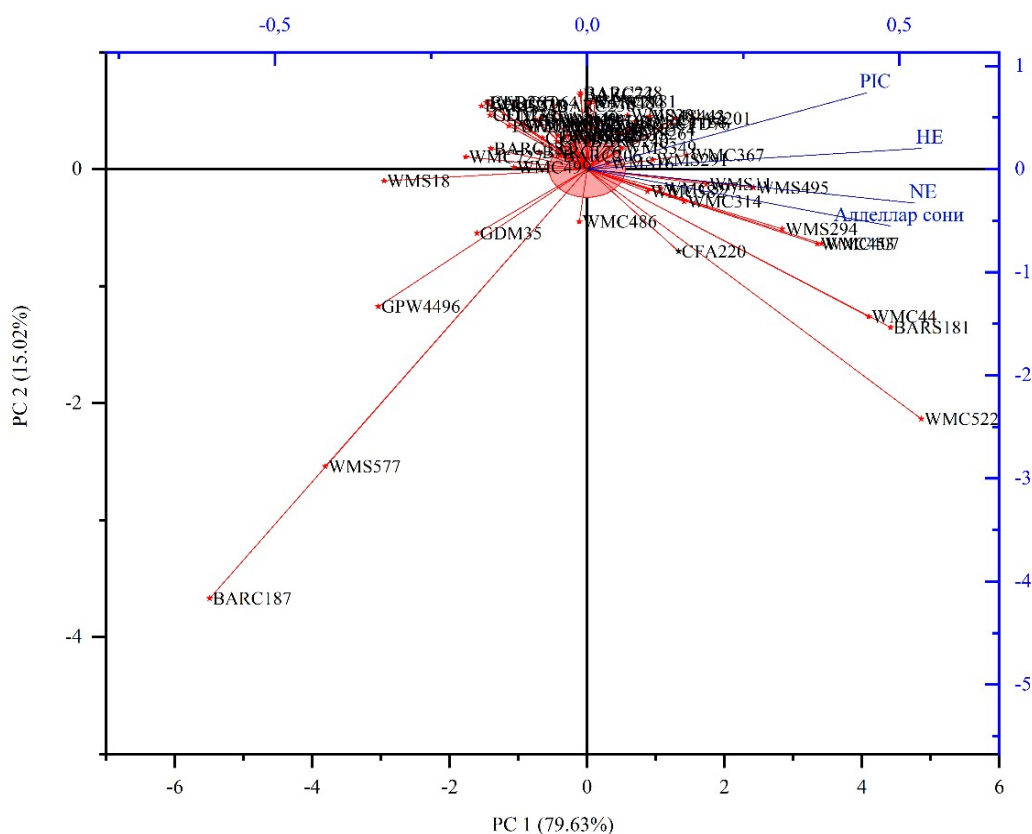
Буғдой намуналарида молекуляр тадқиқотлар олиб бориш, генетик муносабатларни аниқлаш мақсадида танланган маркерлардаги аллеллар сони ўрганилди. Натижага кўра, аллеллар сони 2 тадан 9 тагача эканлиги аниқланди. 2 тагача бўлган аллеллар сони 12 тани ташкил қилди. 3 та аллелга эга бўлган маркерлар сони 24 тани ташкил этган бўлса, 23 та маркер 4 тадан аллелга эга эканлиги кузатилди. 5 та аллелга эга маркерлар 7 тани, 6 тагача аллели мавжуд маркерлар 5 тани ташкил этган бўлса, атига битта маркер 7 та аллелга эга эканлиги аниқланди. Демак, ушбу маркерларнинг аксарияти 3 тадан 4 тагача аллелга эга эканлигини ва бу маркерлар 0,3 дан 0,7 NE қийматда келганлигини кўрсатди. Тадқиқот объекти сифатида танланган буғдой намуналарида юқори полиморфизм намоён этганлиги боис, ушбу маркерлар молекуляр тадқиқотларда кенгроқ фойдаланиш имкониятига эга эканлигини кўрсатади.



2-расм. Тадқиқотда амплификацияланган SSR-маркерларнинг *Heat map* харитаси

Тадқиқот давомида тўлиқ амплификация бўлган 97 таси микросателлит маркерлар *GraphPad* дастури ёрдамида уларнинг *Heat map* харитаси тузилди (2-расм). Бунга кўра, танланган микросателлит маркерлар тадқиқот намуналарида мономорф ёки полиморфизм қиймати уч ва ундан паст бўлганлари қизил рангда намоён бўлди. Бунда маркерларнинг намунадаги аллеллар сонига кам бўлганлари қизил ва полиморфизм даражалари юқори бўлгани сари камалак сингари ранглар ўзгариб бораверди. Энг юқори полиморфизмга эга маркерлар кўк ранг билан белгиланганлиги маълум бўлди.

Танланган маркерларнинг NE (самарали аллеллар сони) кўрсаткичи энг керакли кўрсаткичлардан бўлиб, ушбу кўрсаткичда буғдой навларидаги бири-биридан фарқини очиб беришини таъминлайди. Самарали аллеллар сонига эга маркерлар ҳар бир навларнинг аллеллар ўлчами бўйича фарқлилигини аниқлаб бериш имкониятига эга ҳисобланади. Бунда маркерларнинг самарали аллеллар сони уч ва ундан юқори бўлса, навлар ўртасидаги хилма-хиллик ҳам юқори бўлади.



3-расм. SSR-маркерларнинг самарали аллеллар сони

Статистик таҳлил натижаларига кўра, тадқиқот учун танланган микросателлитлар полиморфизми бўйича хилма-хиллиги 4 гуруҳга бўлинганлиги аниқланди. Ушбу гуруҳлар ҳам ўз навбатида кичик субгуруҳларга бўлинди.

Биринчи гуруҳ ўз ичига 5 та маркерни олиб, буларнинг 3 тасида PIC қиймати 0 га тенг эканлиги ва 2 тасида эса 0,16 ва 0,17 қийматга эга эканлиги аниқланди. Ушбу маркерлар, танланган намуналар бўйича кейинги таҳлилларда молекуляр идентификация қилишга тавсия этилмайди. Чунки, бу маркерлар тадқиқот намуналари ичида мономорф, яъни полиморфизм даражаси ўта паст эканлиги аниқланди.

Иккинчи гуруҳдан 20 та микросателлит маркерлари жой олган бўлиб, уларнинг PIC қиймати 0,28 дан 0,5 гача эканлиги аниқланди. Тадқиқот учун танланган намуналарни ушбу, иккинчи гуруҳ маркерлар ёрдамида идентификация қилиш мумкин. Бунда уларнинг қайси хромасомада жойлашганлиги, қайси геном ҳудудига тегишли эканлиги ва қайси белгига бирикканлигини эътиборга олиш лозим бўлади.

Учинчи гуруҳ эса 38 та микросателлит маркерни ўз ичига олиб, уларнинг PIC қиймати 0,49 дан 0,66 га тенг эканлиги қайд этилди. Ушбу маркерлар юқори полиморфизмга эга бўлиб, тадқиқот намуналарининг генетик хилма-хиллигини аниқлашда, янги селекцион тадқиқотлар учун манбаларни тўғри танлаш имконини беради.

Энг юқори полиморфлилик хусусиятига эга бўлган тўртинчи гуруҳ таркиби эса 12 та микросателлит маркердан иборат эканлиги аниқланди. BARS181, WMC522, WMC407, WMS18, CFA2201, WMS294, CFD76, WMC73, WMC486, CFA220, WMC314 ва WMS495 маркерлари танланган маркерлар орасида юқори полиморфлиги билан ажралиб турди. Бу маркерларнинг PIC қиймати 0,74 дан 0,85 га эга эканлиги кузатилди. Ушбу маркерлар навларнинг генетик муносабатларини, хусусан, ўзаро яқин ёки узоқчилигини аниқлашда, ДНК паспортини ишлаб чиқишда ва янги молекуляр селекция тадқиқотлари учун намуналарни тўғри танлашда ишончли маркер эканлиги тасдиқланди.

Хулоса

Тадқиқот учун танланган 144 та микросателлит маркерлар ичида 97 таси маҳаллий буғдой навларида ПЗР таҳлилларини олиб боришда иштирок этди. Қолган микросателлит маркерлар қисман ёки тўлиқ амплификация намоён этмаганлиги сабабли, кейинги тадқиқотда иштирок этмади. Полиморфизмни намоён этган 66 та микросателлит маркерлар полиморфизм даражаларига қараб гуруҳланди ва келгуси тадқиқотлар учун танлаб олинди.

Ушбу мақола Олий таълим, фан ва инновациялар вазирлиги ҳузуридаги Инновацион ривожланиш агентлиги томонидан тақдим этилган AL-8523122265-сонли лойиҳасини бажариш давомида тайёрланган.

Адабиётлар рўйхати

1. Adylova A.T., Norbekov J.K., Khurshut E.E., Nikitina E.V., Kushanov F.N. SSR analysis of the genomic DNA of perspective Uzbek hexaploid winter wheat varieties. *Vavilovskii Zhurnal Genetiki i Seleksii Vavilov Journal of Genetics and Breeding*. 2018;22(6): pp. 634-639. doi 10.18699/VJ18.404
2. Collard B.C.Y., Jahufer M.Z.Z., Brouwer J.B. & Pang E.C.K. An introduction to markers, quantitative trait loci (QTL) mapping and marker-assisted selection for crop improvement: The basic concepts *Euphytica* (2005) 142: pp. 169–196 doi: 10.1007/s10681-005-1681-5
3. Chen S., Yao H., Han J., Liu C., Song J., Shi L., Zhu Y., Ma X., Gao T., Pang X., Luo K., Li Y., Li X., Jia X., Lin Y., Leon C. Validation of the ITS2 region as a novel DNA barcode for identifying medicinal plant species. *PLoS One*. 2010 Jan 7;5(1):e8613. doi: 10.1371/journal.pone.0008613.
4. de Vere N., Rich T.C., Ford C.R., Trinder S.A., Long C., Moore C.W., Satterthwaite D., Davies H., Allainguillaume J., Ronca S., Tatarinova T., Garbett H., Walker K., Wilkinson M.J. DNA barcoding the native flowering plants and conifers of Wales. *PLoS One*. 2012;7(6):e37945. doi: 10.1371/journal.pone.0037945.
5. Doyle J.J. and Doyle J.L. 1987. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochemical Bulletin* 19: 11–15
6. H. A. Agrama J.G. C. Eizenga J.W. Yan. Association mapping of yield and its components in rice cultivars. *Mol Breeding* (2007) DOI 10.1007/s11032-006-9066-6 pp. 341–356
7. Huang X-C, Ci X-Q, Conran JG, Li J. 2015. Application of DNA barcodes in Asian tropical trees: A case study from Xishuangbanna Nature Reserve, Southwest China. *PLoS ONE* 10: e0129295.22.
8. Joshi, B.K., Ghimire, K.H., Neupane, S.P., Gauchan, D., Mengistu, D.K. Approaches and Advantages of Increased Crop Genetic Diversity in the Fields. *Diversity* 2023, 15, 603. doi.org/10.3390/d15050603

9. Kress W.J. 2011. DNA barcoding and systematic monographs. In: Stuessy T, LackWeds. Monographic plant systematics: Fundamental assessment of plant biodiversity. Berlin: Regnum Vegetabile 153. A.R. G. Gantner Verlag K.G. pp. 49–71.
10. Loginova, Dina & Silkova, Olga. (2018). The Genome of Bread Wheat *Triticum aestivum* L. Unique Structural and Functional Properties. Russian Journal of Genetics. 54. DOI:10.1134/S1022795418040105 pp. 403-414.
11. Lu, J.J., Kang, J.Y., Feng, S.G., Zhao, H.Y., Liu, J.J., and Wang, H.Z. (2013). Transferability of SSR markers derived from *Dendrobium nobile* expressed sequence tags (ESTs) and their utilization in *Dendrobium* phylogeny analysis. Sci. Horticult. 158, doi: 10.1016/j.scienta.2013.04.011
12. Malysheva, L., Sjakste, T., Matzk, F., Röder, M., and Ganai, M. (2003). Molecular cytogenetic analysis of wheat–barley hybrids using genomic in situ hybridization and barley microsatellite markers. Genome 46, doi: 10.1139/g02-117 pp. 314–322
13. Parmentier I., Duminil J., Kuzmina M., Philippe M., Thomas D.W., Kenfack D., Chuyong G.B., Cruaud C., Hardy O.J. 2013. How effective are DNA barcodes in the identification of African rainforest trees? PLoS ONE 8: e54921.
14. Pei N-C., Lian J-Y., Erickson D.L., Swenson N.G., Kress W.J., Ye W-H., Ge X-J. 2011. Exploring tree-habitat associations in a Chinese subtropical forest plot using a molecular phylogeny generated from DNA Barcode loci. PLoS ONE 6: e21273.
15. Powell, W., Machray, G. C., and Provan, J. (1996). Polymorphism is revealed by simple sequence repeats. Trends Plant Sci. 1, pp. 215–222. doi: 10.1016/1360-1385(96)86898-1
16. Shirasawa K., Ishii K., Kim C., Ban T., Suzuki M., Ito T., Muranaka T., Kobayashi M., Nagata N., Isobe S., Tabata S. Development of Capsicum EST-SSR markers for species identification and in silico mapping onto the

tomato genome sequence. Mol Breed. 2013 Jan;31(1):101-110. doi: 10.1007/s11032-012-9774-z.

17. Tautz D. Hypervariability of simple sequences as a general source for polymorphic DNA markers // Nucl. Acids Res. 1989. V. 17. pp. 6463–6471
18. Turaev O.S., Baboev S.K., Ziyaev Z.M., Norbekov J.K., Erjigitov D.Sh., Bakhadirov U.Sh., Tursunmurodova B.T., Dolimov A.A., Turakulov Kh.S., Ernazarova D.K., Kushanov F.N. (2023). Present status and future perspectives of wheat (*Triticum aestivum* L.) research in Uzbekistan. SABRAO J. Breed. Genet. 55(5): 1463-1475. doi.org/10.54910/sabrao2023.55.5.2