

Radjapov Farxod Sunnatullayevich

O‘zR FA Genomika va bioinformatika markazi katta ilmiy hodimi

E-mail: farhod.radjapov@yandex.ru

Salaxutdinov Ilxom Baxtiyarovich

O‘zR FA Genomika va bioinformatika markazi laboratoriya mudiri, PhD

E-mail: silkhom@mail.ru

Kamburova Venera Seytumerovna

O‘zR FA Genomika va bioinformatika markazi direktor o‘rinbosari, b.f.d.

E-mail: kamburova.v@genomics.uz

Usmanov Dilshod Erkinboyevich

O‘zR FA Genomika va bioinformatika markazi laboratoriya mudiri, PhD

E-mail: d.usmonov@genomics.uz

Tojiboyeva Dinara Ilxamovna

O‘zR FA Genomika va bioinformatika markazi kichik ilmiy hodimi

E-mail: t.dinara@mail.ru

Buriyev Zabardast Tojiboyevich

O‘zR FA Genomika va bioinformatika markazi direktori, professor

E-mail: zburiyev@genomics.uz

UO‘K 577.29

FUSARIUM SOLANI MOLEKULYAR IDENTIFIKATSIYASINING

ZAMONAVIY TADQIQOT USULLARI

Annotatsiya: *An‘anaviy morfologik usullar Fusarium species complex vakillarining o‘zgaruvchanligi va murakkab tuzilishi tufayli yetarli darajada ishonchli (informativ) emas. ITS, TEF-1 α , RPB2, β -tubulin, NIR, PHO va SIX kabi molekulyar markerlar ketma-ketligini tahlil qilishga asoslangan molekulyar-genetik usullar yaqin turlar, rasalar va maxsus shakllar (formae speciales) larni farqlash imkonini berib, tashxislash aniqligini sezilarli darajada oshirdi. So‘nggi yillarda F.solani vakillarini identifikatsiyalash va taksonomik tahlil qilishda “oltin standart” sifatida e’tirof etilayotgan multilokusli yondashuvning afzalliklariga alohida e’tibor qaratilmoqda. Shuningdek, ushbu maqolada patogenlar genomini kompleks tahlil*

qilish va tashxislash uchun yangi avlod sekvenirlash tizimlari (NGS), shu jumladan WGS, tNGS va mNGSni qo'llash imkoniyatlari va ular bilan bog'liq qiyinchiliklar ko'rib chiqilgan.

Kalit so'zlar: *Fusarium solani, FSSC, identifikasiya, sekvenirlash, ITS, TEF-1 α , RPB2, β -tubulin, NIR, PHO, SIX.*

Раджапов Фарход Суннатуллаевич

Центр геномики и биоинформатики АН РУз, старший научный сотрудник

E-mail: farhod.radjapov@yandex.ru

Салахутдинов Илхом Бахтиярович

Центр геномики и биоинформатики АН РУз заведующий лабораторией, PhD

E-mail: silkhom@mail.ru

Камбурова Венера Сейтумеровна

Центр геномики и биоинформатики АН РУз заместитель директора, д.б.н.

E-mail: kamburova.v@genomics.uz

Усманов Дилшод Эркинбоевич

Центр геномики и биоинформатики АН РУз заведующий лабораторией, PhD

E-mail: d.usmonov@genomics.uz

Тожибоева Динара Илхамовна

Центр геномики и биоинформатики АН РУз, младший научный сотрудник

E-mail: t.dinara@mail.ru

Буриев Забардаст Таджибаевич

Директор Центра геномики и биоинформатики АН РУз, профессор

E-mail: zburiyev@genomics.uz

СОВРЕМЕННЫЕ МЕТОДЫ МОЛЕКУЛЯРНОЙ ИДЕНТИФИКАЦИИ

FUSARIUM SOLANI

Аннотация: *Традиционные морфологические методы недостаточно информативны из-за изменчивости и сложной структуры представителей Fusarium species complex. Молекулярно-генетические методы, основанные на анализе последовательностей однокопийных генов, таких как ITS, TEF-1 α , RPB2, β -тубулин, NIR, PHO и SIX, позволили дифференцировать близкие виды,*

расы и специализированные формы (*formae speciales*), что значительно повысило точность диагностики. В последние годы особое внимание уделяется преимуществам мультилокусного подхода, который признан "золотым стандартом" для идентификации и таксономического анализа представителей *F. solani*. Также в данной статье рассматриваются возможности и связанные с ними трудности применения систем секвенирования нового поколения (NGS), включая WGS, tNGS и mNGS, для комплексного анализа и диагностики генома патогенов.

Ключевые слова: *Fusarium solani*, FSSC, идентификация, секвенирование, ITS, TEF-1 α , RPB2, β -tubulin, NIR, PHO, SIX.

Radjapov Farkhod

Center of genomics and bioinformatics, senior researcher

E-mail: farhod.radjapov@yandex.ru

Salakhutdinov Ilkhom

Center of genomics and bioinformatics, head of laboratory, PhD

E-mail: silkhom@mail.ru

Kamburova Venera

Deputy Director of Center of genomics and bioinformatics, DSc

E-mail: kamburova.v@genomics.uz

Usmanov Dilshod

Center of genomics and bioinformatics, head of laboratory, PhD

E-mail: d.usmonov@genomics.uz

Tojiboeva Dinara

Center of genomics and bioinformatics, junior researcher

E-mail: t.dinara@mail.ru

Buriev Zabardast

Director of Center of genomics and bioinformatics, professor

E-mail: zburiev@genomics.uz

MODERN METHODS OF MOLECULAR IDENTIFICATION OF *FUSARIUM SOLANI*

Abstract: Traditional morphological methods are insufficiently informative due to the variability and complex structure of representatives of the *Fusarium* species complex. Molecular genetic methods based on the analysis of single-copy gene sequences—such as ITS, TEF-1 α , RPB2, β -tubulin, NIR, PHO, and SIX—have enabled the differentiation of closely related species, races, and specialized forms (*formae speciales*), significantly improving diagnostic accuracy. In recent years, particular attention has been given to the advantages of the multilocus approach, which is recognized as the "gold standard" for the identification and taxonomic analysis of *F. solani*. This article also discusses the potential of next-generation sequencing (NGS) technologies — such as WGS, tNGS, and mNGS — for comprehensive pathogen genomes analysis and diagnostics, as well as the associated challenges.

Keywords: *Fusarium solani*, FSSC, identification, sequencing, ITS, TEF-1 α , RPB2, β -tubulin, NIR, PHO, SIX.

KIRISH

Fusarium avlodi zamburug'larining an'anaviy identifikatsiyasi morfologik belgilarga (konidiyalarning shakli va o'lchami, kolonial xususiyatlari) asoslangan, ammo bu belgilar beqaror bo'lishi va noto'g'ri identifikatsiyaga olib kelishi mumkin. DNK ketma-ketliklarini tahlil qilishga asoslangan molekulyar-genetik usullar identifikatsiyaning aniqligi va ishonchliligini sezilarli darajada oshirdi.

F. solani ni molekulyar darajada aniq identifikatsiya qilish orqali kasallikga samarali tashxis qo'yish, epidemiologik tadqiqotlar o'tkazish va qishloq xo'jaligi uchun chidamli navlarini ishlab chiqish muhim ahamiyatga ega [8]. Bundan tashqari, patogen va o'simlik o'rtasidagi o'zaro ta'sirning nozik jihatlarini tushunish va kasallikni nazorat ostida ushlab turishda maqsadli strategiyalarini ishlab chiqish uchun, muayyan xo'jayin o'simlikka ixtisoslashgan rasa va formalarni farqlashga imkon beruvchi ichki tur differensiasiyasi zarurdir. Shu maqsadda, zamonaviy tadqiqotlar *F. solani* ni turli taksonomik darajalarda ishonchli identifikatsiyalashni ta'minlay oladigan molekulyar usullarni takomillashtirishga qaratilgan.

Bugungi kunda *Fusarium* ni molekulyar identifikatsiya qilishda foydalaniladigan genlar:

Ribosomal DNK (rDNA) ning transkripsiya qilinadigan ichki speyseri (ITS).- Ribosomal DNK ning ITS -regioni mikologiyada, shu jumladan *Fusarium* avlodi zamburug'larini aniqlashda eng keng qo'llaniladigan va tan olingan molekulyar markerlardan biri hisoblanadi. Ushbu ITS regioni *Fusarium* avlodining ko'pgina turlari, shu jumladan *F. solani* darajasida identifikatsiya qilishda samarali qo'llaniladi. Masalan, *Fusarium* ning klinik va ekologik izolyatlarini o'rganishda *F. oxysporum* va *F. solani* ni aniqlash uchun ITS ketma-ketligi yetarli bo'ldi [1]. ITS ketma-ketliklarining o'zgaruvchanligi ko'pincha yaqin turlarni farqlash imkonini beradi, bu esa uni birlamchi identifikatsiya uchun samarali vositaga aylantiradi. Ushbu praymerlarning keng qo'llanilishiga qaramay, *Fusarium* species complex (FSSC) vakillarini aniqlashda o'ziga xos ba'zi kamchiliklarga ham egadir. Ushbu kompleks doirasida ITS tor yoki butunlay mavjud bo'lmagan "barcode gaps" [2] tufayli yaqin turlarni farqlash uchun yetarli darajada aniqlik ko'rsatkichlariga ega bo'lmashligi mumkin. Bundan tashqari, ITS ning genomdagi ichki variatsiyasi, bir organizm genomida ITS regionining bir nechta bir-biridan farq qiladigan nusxalari mavjud bo'lganda, sekvenirlashning noaniq natijalariga olib kelishi va identifikatsiya jarayonini qiyinlashtirishi mumkin [2]. Shunday qilib, FSSC ichidagi turlarni yakuniy identifikatsiya qilish uchun, ayniqsa, kriptik turlar (egizak turlar) yoki bir-biri bilan chambarchas bog'liq bo'lgan taksonlar bilan ishlashda va ularni identifikatsiya qilishda, faqat ITS dan foydalanish yetarli bo'lmashligi mumkin, bu esa qo'shimcha, aniqroq ishlovchi molekulyar markerlarni qo'llashni talab etadi.

Elongatsiyaning translyatsion faktori geni 1 alfa (TEF-1 α) - 1 α elongatsiyasining translyatsion faktorini kodlovchi TEF-1 α geni zamburug'larni filogenetikasi va identifikatsiyasida muhim molekulyar markerga hisoblanib, ITS ga qaraganda yuqori aniqlikni ta'minlaydi, shu jumladan *Fusarium* avlodi va FSSC kompleksi doirasida ham [3]. Masalan, TEF-1 α genidan Turkiyada tok o'simligidan ajratib olingan *Fusarium* izolyatlarini identifikatsiyalashda [4] va Ugandada loviya o'simligida ildiz chirishi kasalligi bilan bog'liq *Fusarium* turlarini tavsiflashda

foydalanilgan [5]. Yurtimiz olimlari TEF1- α genining ketma-ketligidan foydalangan holda filogenetik tahlil qilish asosida FOV izolyatlarining uchta rasasi identifikatsiya qilishga muvaffaq bo'lishdi [25]. ITS ga nisbatan TEF-1 α genining evolyutsiya tezligi (o'zgarish dinamikasi) sekinroq bo'lib, bu yaqin qarindosh turlar uchun barqaror filogenetik signallar va yaxshiroq aniqlikni ta'minlaydi. Uning ketma-ketliklari odatda yaqin qarindosh taksonlar o'rtasida turlarni farqlash uchun yetarli darajada tafovut beradi [6, 7]. Shuningdek, *FUSARIUM-ID* kabi ixtisoslashgan ma'lumotlar bazalari mavjud bo'lib, ular asosan *Fusarium* avlodiga, shu jumladan FSSC ichidagi turlarni aniq identifikatsiya qilish va taksonomik tasniflash uchun TEF-1 α ketma-ketliklaridan foydalanadi [8, 23].

RNK polimeraza II ning ikkinchi subbirlik geni (RPB2) – ushbe gen ITS va TEF-1 α bilan birgalikda *Fusarium* avlodi, jumladan FSSC kompleksi tarkibidagi turlarni ishonchli filogenetik tahlil va identifikatsiya qilish uchun ishlatiladigan yana bir qimmatli oqsil-kodlovchi marker hisoblanadi. Masalan, RPB2 geni TEF-1 α bilan birgalikda kartoshka tugunaklaridan ajratib olingan FSSC tarkibidagi izolyatlar turlarni aniq identifikatsiya qilish uchun qo'llangan [10]. RPB2 mustaqil filogenetik ma'lumot (signal) ni taqdim etadi, ITS va TEF-1 α orqali olingan ma'lumotlarni to'ldiradi hamda taksonomik xulosalarning ishonchlilik darajasini oshiradi [7]. Bu xususiyat, ayniqsa *Fusarium* kabi murakkab turlar guruhlarida (masalan, FSSC) tur darajasidagi farqlarni aniqlashda muhim ahamiyat kasb etadi [24]. RPB2 ketma-ketliklari yaqin turlarni farqlash uchun yetarli miqdorda informativ saytlarni o'z ichiga olib, multilokusli filogenetik tahlil uchun qo'llaniladi [9, 11]. Filogenetik tadqiqotlarda RPB2 ko'p hollarda yangi yoki avval aniqlanmagan turlarni identifikatsiya qilish hamda ularning evolyutsion bog'liqliklarini aniqlashda keng foydalaniladi. RPB2 genini zamburug'larning molekulyar diagnostikasi va taksonomik tadqiqotlari uchun multilokus yondashuvining bir qismi sifatida, ayniqsa ITS va TEF1 α markerlari yetarli darajada aniqlik ko'rsatkichlarini ta'minlamagan hollarda qo'llash tavsiya etiladi [9, 11]. Ushbu gendan foydalanish identifikatsiya va tasniflash muammolarini, shu jumladan *Fusarium* kabi murakkab taksonlar ichida ham samarali hal qilish imkonini beradi.

Beta-tubulin geni (β -tub) – *Fusarium* avlodiga mansub zamburug'larni identifikatsiyalash va filogenetik tahlil qilishda qo'llaniladigan muhim molekulyar markerlardan biri hisoblanadi. U mikronaychalar tarkibiga kiruvchi strukturaviy oqsilini kodlaydi va yetarli darajada polimorfizmga ega bo'lib, *Fusarium* avlodi vakillarining ko'pgina turlarni farqlash imkonini beradi. Dastlabki tadqiqotlar, β -tubulin genida fungitsidlarga (masalan, benomilga) chidamlilik bilan bog'liq mutatsiyalarni aniqladi, bu esa ushbu genning zamburug' biologiyasi va patogenligini o'rganishdagi ahamiyatini yanada oshiradi [12]. Biroq, β -tubulin har doim ham barcha yaqin turlarni farqlay olmaydi - masalan, *F. armeniacum* va *F. acuminatum* yoki *F. sporotrichioides* va *F. langsethiae* faqat ushbu markerdan foydalanganda farqlanmaydi [13]. Nosratabadi et al. (2018) tadqiqotlarida turli manbalardan olingan 107 ta *Fusarium* shtammlarini farqlash uchun β -tubulin genining PCR-RFLP tahlili samaradorligi ko'rsatilgan, bu esa uning tashxislash tajribalaridagi amaliy ahamiyatini yana bir bor tasdiqlaydi.

Nitrit reduktaza (NIR) geni – azot metabolizmida, xususan, nitratlarning qaytarilishida ishtirok etadigan fermentni kodlaydi. Ushbu gen nisbatan konservativ bo'lib, shu bilan birga turli xil turlar va hatto *Fusarium* shtammlari o'rtasida yetarlicha o'zgaruvchanlikka ega hisoblanadi, bu esa uni filogenetik tahlil va turlarni identifikatsiyalash uchun qulay usul sifatida namoyon etadi. Biroq, ilmiy adabiyotlarda *Fusarium* molekulyar identifikatsiyasi va filogenetikasi uchun NIR genidan foydalanish juda kam uchraydi va keng qabul qilinmagan usul hisoblanadi. *Fusarium* zamburug' avlodi fiziologiyasi uchun NIR geni muhim sanaladi, ammo bugungi kunda ushbu turni aniqlash yoki filogenetikasi uchun asosiy molekulyar marker sifatida qo'llanilmaydi. Bu maqsadlar uchun samaradorligi tadqiqotlar davomida isbotlangan va ilmiy tajribalarda keng qo'llanilayotgan TEF1 α , RPB2 va β -tubulin genlaridan foydalangan maqsadga muvofiq hisoblanadi.

Fosfat permeaza (yoki fosfat transportyori) geni (PHO) – *Fusarium* avlodi patogenlarini, xususan, *Fusarium oxysporum* f.sp. *vasinfectum* ni molekulyar identifikatsiya qilish va taksonomik tahlil qilish uchun foydalaniladigan bir nusxali genlardan biridir. Undan foydalanilish mexanizmlari NIR geni bilan bir xil

tamoyillarga asoslangan: u turlarni farqlash uchun yetarlicha o'zgaruvchanlikka ega bo'lishi kerak, ammo ketma-ketliklarni muvaffaqiyatli amplifikatsiya (ko'paytirish) qilish va ularni tartibga solish uchun yetarli darajada konservativ bo'lishi kerak. PHO genining ketma-ketligi *Fusarium* ning har xil turlari o'rtasida polimorfizm (nukleotid almashinuvi) ning yuqori ko'rsatkichlarini namoyon etadi. Bu esa undan spetsifik praymerlarni ishlab chiqish va morfologik belgilar bo'yicha ajratish murakkab bo'lgan yaqin turlarni ham identifikatsiyalash uchun foydalanish imkonini beradi [14]. PHO genining nukleotid ketma-ketliklari asosida *Fusarium oxysporum* f.sp. *vasinfectum* ning turli rasalarini, shu jumladan 3 va 8 rasalarini allel-spetsifik PZR (ASPCR) yordamida identifikatsiya qilish imkonini beruvchi maxsus praymerlar ishlab chiqilgan [15]. PHO geni *Fusarium* ni identifikatsiya qilish hamda uning taksonomik tahlillari uchun istiqbolli va samarali molekulyar marker hisoblanadi. Uni boshqa bir nusxali genlar bilan kombinatsiyada qo'llash tur va rasalarni identifikatsiyalash aniqligini oshirish imkonini beradi, bu esa fitopatologik monitoring va patogenlarga qarshi kurash strategiyasini ishlab chiqish uchun muhimdir omil sanaladi.

SIX genlari (Secreted In Xylem) – patogenlikning muhim omillari bo'lib, *formae speciales* va rasalar o'rtasida xo'jayin o'simliklarga nisbatan spetsifiklikdagi farqlarni belgilaydi, bu esa ularni patogen diagnostikasi va evolyutsiyasini o'rganish uchun informativ markerlarga aylantiradi [16]. *Fusarium species complex* (FSSC) da SIX genlari nisbatan kamroq o'rganilgan, ammo genom tadqiqotlari virulentlik va xo'jayin o'simliklarga moslashish bilan bog'liq genlar bilan o'xshash patogen xromosomalari mavjudligini ko'rsatadi. SIX genlari dinamik patogen xromosomalar orqali *Fusarium*, ayniqsa *F. oxysporum* ning patogenligi va moslashuvini belgilovchi asosiy effektor oqsillar bo'lib, fitopatologiyada tadqiqotlar va amaliy qo'llash uchun muhim obyekt hisoblanadi. O'zR FA Genomika va bioinformatika markazi olimlari horijiy mutaxassislar bilan hamkorlikda *Fusarium* avlodi patogenlarining turli genlar, shu jumladan SIX genlari bilan ham identifikatsiya qilish tajribalarini olib borishdi [26].

Yuqorida sanab o'tilgan genlar kombinatsiyasidan foydalangan holda multilokusli yondashuv *Fusarium* kompleksi ichidagi yangi turlarni aniq identifikatsiya qilish va tavsiflash uchun "oltin standart" hisoblanadi. Bu genlarning polimorfizmi ularni bir-biriga yaqin turlarni farqlashda qulaylik yaratadi. Multilokusli yondashuv doirasida ushbu markerlarning kombinatsiyasi *Fusarium* avlodi va xususan, *Fusarium* tur ichidagi vakillarini molekulyar identifikatsiyalashning aniqligi va ishonchliligini sezilarli darajada oshiradi, bu esa qishloq xo'jaligi, fitopatologiya va mikologiya uchun katta ahamiyat kasb etadi.

Rasalarning molekulyar identifikatsiyasi. *Fusarium species complex* ichidagi vakillarni klassifikatsiyalash (tasniflash), bunda komplekslar dastlab xo'jayin o'simlikka spetsifikligi asosida *formae speciales* ga birlashadi, keyin esa tur ichida muayyan navlarni zararlash yoki xo'jayin o'simlikning ma'lum bir chidamlilik genlarini susaytirish qobiliyatiga qarab rasalarga ajratiladi [17]. *Fusarium* xo'jayin o'simlikka nisbatan spetsifikligi va filogenetik farqlari bilan farq qiluvchi 12 ta *formae speciales* va ikkita rasaga ajratiladi [18, 19, 20]. Turli *formae speciales* lar *F. solani* uchun har xil xo'jayin diapazonlarini namoyish etadi, maxsus formalar doirasidagi rasalar esa bir xil xo'jayinning turli navlarida virulentligi bo'yicha farq qilishi mumkin. Genetik xilma-xillikni tahlil qilish va FSSC ichidagi ma'lum rasalar yoki patogenlik profillari bilan bog'liq gaplotiplarni aniqlash uchun EF-1 α , RPB2 va ITS kabi bir nechta gen hududlaridan foydalangan holda multilokus ketma-ketligini (MLST) qo'llash orqali [8], tur va rasalarni identifikatsiya qilishda yuqori aniqlik va samaradorlikni ta'minlaydi.

Yangi avlod sekvenirlash texnologiyalari (NGS - Next Generation Sequencing) paydo bo'lishi bilan molekulyar identifikatsiya sohasida yangi imkoniyatlar va istiqbollar yuzaga keldi. Ushbu texnologiya laboratoriya amaliyoti, shu jumladan patogenlarni tashxislash uchun ajoyib vositadir. Bugungi kunda ilg'or laboratoriyalarda NGS dan foydalanishda uchta asosiy yondashuv qo'llaniladi [21]:

1. *To'liq genomni sekvenirlash* (WGS - Whole Genome Sequencing) - organizmning butun genomini sekvenirlash;

2. *Nishonli sekvenirlash* (tNGS - Targeted Next Generation Sequencing) - genomning faqat ma'lum, tanlangan (nishonlangan) qismlarini sekvenirlash.

3. *Metagenom sekvenirlash* (mNGS - Metagenomic Next Generation Sequencing) - barcha mikroorganizmlarni (shu jumladan zamburug'larni) aniqlash uchun namunada mavjud bo'lgan barcha DNK/RNKni sekvenirlash.

Fusarium genomini to'liq sekvenirlash uning moslashuvchanligi, patogenligi va evolyutsiyasi bilan bog'liq asosiy xususiyatlarini aniqlash imkonini berdi. Yangi avlod sekvenirlash texnologiyasi (NGS) keng qamrovli genom tahlilini o'tkazish, yangi markerlarni aniqlash va patogen kulturasiga bog'liq bo'lmagan mustaqil aniqlash usullarini amalga oshirishga imkon berdi [22]. Ilg'or sekvenirlash texnologiyalari tirik organizmlarning genetik xilma-xilligi va evolyutsion rivojlanish tarixi, shu jumladan, FSSC ni chuqur o'rganish uchun misli ko'rilmagan imkoniyatlarni ochadi. Biroq, NGS asbob-uskunolari va ular uchun reagentlarning tan narxining yuqoriligi, hozircha yagona cheklovchi omil bo'lib qolmoqda. Shuni hisobga olish kerakki, NGS ma'lumotlarini qayta ishlash hamda ularni tahlil qilish uchun maxsus ko'nikma va chuqur fundamental bilim talab etiladi. Shuningdek, noyob yoki kam o'rganilgan patogen namunalari uchun yetarli miqdordagi referens ma'lumotlarining mavjudligi bilan bog'liq qiyinchiliklar yuzaga kelishi mumkin.

HULOSA

Ushbu yo'nalishda erishilgan sezilarli yutuqlarga qaramay, *F. solani* identifikatsiyada, kompleksning taksonomik murakkabligi, standartlashtirilgan protokollar va nazorat qilinuvchi ma'lumot bazalarining zarurligi tufayli murakkab vazifa bo'lib qolmoqda. Fenotipik va molekulyar ma'lumotlar integrasiyasi, shuningdek, NGS hamda metagenomika kabi yangi genom texnologiyalarini qo'llash *Fusarium* tur va tur ichidagi identifikatsiya usullarini yanada takomillashtirish uchun istiqbolli imkoniyatlarni ochib beradi. Shuni ta'kidlash joizki, molekulyar-genetik usullar klassik mikrobiologik jarayonlarning o'rnini bosuvchi emas, balki ularga oqilona qo'shimcha bo'lib hizmat qilishi hamda olimlar olib borayotgan tadqiqotlarning tahliliy imkoniyatlarini sezilarli darajada kengaytirishi lozimdir.

ADABIYOTLAR RO'YXATI

1. Montoya, Alexandra & Grimaldo, Joan & González, Gloria. (2025). Phenotypic and molecular identification of *Fusarium* spp. clinical and environmental isolates. *Gaceta Médica de México*. 160. 10.24875/GMM.M24000943.
2. Raja HA, Miller AN, Pearce CJ, Oberlies NH. Fungal Identification Using Molecular Tools: A Primer for the Natural Products Research Community. *J Nat Prod*. 2017 Mar 24;80(3):756-770. doi: 10.1021/acs.jnatprod.6b01085. Epub 2017 Feb 15. PMID: 28199101; PMCID: PMC5368684.
3. Стахеев А.А., Самохвалова Л.В., Микитюк О.Д., Завриев С.К. Филогенетический анализ и молекулярное типирование трихотеценпродуцирующих грибов рода *Fusarium* из российских коллекций // *Acta Naturae*. - 2018. - Т. 10. - №2. - С. 79-92. doi: 10.32607/20758251-2018-10-2-79-92
4. Özcan Ateş, G. Molecular Identification of *Fusarium* Isolates from Bozcaada Çavuş and Karalahna Grapes in Türkiye. *J. Fungi* 2025, 11, 373. <https://doi.org/10.3390/jof11050373>
5. Erima S, Nyine M, Edema R, Nkuboye A, Habiba N, Candiru A, Paparu P. Molecular Characterisation of *Fusarium* Species Causing Common Bean Root Rot in Uganda. *J Fungi (Basel)*. 2025 Apr 3;11(4):283. doi: 10.3390/jof11040283. PMID: 40278104; PMCID: PMC12028566.
6. Emma C. Wallace, Sara R. May, Laura A. Miles and David M. Geiser. Tips for Identifying *Fusarium* - Part 2: Sequence-based Identification. National Plant Diagnostic Network, 2022 (<https://www.npdn.org/newsletter/2022/04/article/1>).
7. O'Donnell, Briana K. Whitaker, Imane Laraba, Robert H. Proctor, Daren W. Brown, Kirk Broders, Hye-Seon Kim, Susan P. McCormick, Mark Busman, Takayuki Aoki, Terry J. Torres-Cruz, and David M. Geiser. 54. DNA Sequence - Based Identification of *Fusarium*: A Work in Progress. *Plant Disease* 2022 106:6, 1597-1609. <https://doi.org/10.1094/PDIS-09-21-2035-SR>
8. Rui Qiu, Caihong Li, Yingying Zhang, Xiaojie Li, Chengjun Li, Chang Liu, Mengdan Zhang, Jingke Bai, Yuguo Chen, Fangfang Li, and Shujun Li. Characterization of *Fusarium* Associated with Tobacco (*Nicotiana tabacum*)

9. Kerry O'Donnell, Alejandro P. Rooney, Robert H. Proctor, Daren W. Brown, Susan P. McCormick, Todd J. Ward, Rasmus J.N. Frandsen, Erik Lysøe, Stephen A. Rehner, Takayuki Aoki, Vincent A.R.G. Robert, Pedro W. Crous, Johannes Z. Groenewald, Seogchan Kang, David M. Geiser. 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* Volume 52, March 2013, Pages 20-31. <https://doi.org/10.1016/j.fgb.2012.12.004>
10. Gavrilova O, Orina A, Trubin I, Gagkaeva T. Identification and Pathogenicity of *Fusarium* Fungi Associated with Dry Rot of Potato Tubers. *Microorganisms*. 2024; 12(3):598. <https://doi.org/10.3390/microorganisms12030598>.
11. Л.П. Минаева, Л.В. Самохвалова, С.К. Завриев, А.А. Стахеев. Первое выявление гриба *Fusarium coffeatum* на территории Российской Федерации. *Сельскохозяйственная биология*, 2022, том 57, ¹ 1, с. 131-140 doi:10.15389/agrobiology.2022.1.131rus
12. Yan K, Dickman MB. Isolation of a beta-tubulin gene from *Fusarium moniliforme* that confers cold-sensitive benomyl resistance. *Appl Environ Microbiol*. 1996 Aug;62(8):3053-6. doi: 10.1128/aem.62.8.3053-3056.1996. PMID: 8702300; PMCID: PMC168094.
13. Nosratabadi M., Kachuei R., Rezaie S., Harchegani A.B. Beta-tubulin gene in the differentiation of *Fusarium* species by PCR-RFLP analysis. *Le Infezioni in Medicina*. 2018;26(1):52-60.
14. Stakheev AA, Khaïrulina DR, Riazantsev Dlu, Zavriev SK. [Phosphate permease gene as a marker for the specific identification of toxigenic fungus *Fusarium cerealis*]. *Bioorg Khim*. 2013 Mar-Apr;39(2):175-83. Russian. doi: 10.1134/s1068162013020131. PMID: 23964517.
15. Раджапов Ф., Эгамбердиев Ш.Ш., И.Б. Салахутдинов, Муллаохунов Б.Т., Абдурахмонов И.Ю. Идентификация *Fusarium oxysporum* f. sp. *vasinfecum*

(раса 8) с использованием однокопийного гена фосфат пермеазы. Узбекский Биологический журнал, 2014 №4, сс. 43-45.

16. Jangir P, Mehra N, Sharma K, Singh N, Rani M, Kapoor R. Secreted in Xylem Genes: Drivers of Host Adaptation in *Fusarium oxysporum*. Front Plant Sci. 2021 Apr 22; 12:628611. doi: 10.3389/fpls.2021.628611. PMID: 33968096; PMCID: PMC8101498
17. Wu L, Hwang SF, Strelkov SE, Fredua-Agyeman R, Oh SH, Bélanger RR, Wally O, Kim YM. Pathogenicity, Host Resistance, and Genetic Diversity of *Fusarium* Species under Controlled Conditions from Soybean in Canada. J Fungi (Basel). 2024 Apr 23;10(5):303. doi: 10.3390/jof10050303. PMID: 38786658; PMCID: PMC11122035.
18. Coleman, J.J. The *Fusarium* Species Complex: Ubiquitous Pathogens of Agricultural Importance. Mol. Plant Pathol. 2016, 17, 146–158.
19. Aoki, T.; O'Donnell, K.; Homma, Y.; Lattanzi, A.R. Sudden-Death Syndrome of Soybean Is Caused by Two Morphologically and Phylogenetically Distinct Species within the *Fusarium* Species Complex: *F. virguliforme* in North America and *F. tucumaniae* in South America. Mycologia 2003, 95, 660–684.
20. Šišić, A.; Baćanović-Šišić, J.; Al-Hatmi, A.M.S.; Karlovsky, P.; Ahmed, S.A.; Maier, W.; de Hoog, G.S.; Finckh, M.R. The 'Forma Specialis' Issue in *Fusarium*: A Case Study in *Fusarium* f. sp. pisi. Sci. Rep. 2018, 8, 1252.
21. Mitchell SL, Simner PJ. 2019. Next-generation sequencing in clinical microbiology: are we there yet? Clin Lab Med. 39(3):405–418. doi: 10.1016/j.cll.2019.05.003.
22. Sáenz, V., Lizcano Salas, A. F., Gené, J., & Celis Ramírez, A. M. (2024). *Fusarium* and Neocosmospora: fungal priority pathogens in laboratory diagnosis. Critical Reviews in Microbiology, 1–14. <https://doi.org/10.1080/1040841X.2024.2369693>
23. David M. Geiser, Mari´a del Mar Jime´nez-Gasco, Seogchan Kang, Izabela Makalowska, Narayanan Veeraraghavan, Todd J. Ward, Ning Zhang, Gretchen A. Kuldau1 and Kerry O'Donnell. *FUSARIUM*-ID v. 1.0: A DNA sequence

database for identifying *Fusarium*. European Journal of Plant Pathology 110: 473–479, 2004.

24. Zeynab Yassin, Zahra Salehi, Mohammad Soleimani, Ensieh Lotfali, Mahsa Fattahi, Somayeh Sharifynia. Phylogenetic relationship of *Fusarium* species isolated from keratitis using TEF1 and RPB2 gene sequences. IRAN. J. MICROBIOL. Volume 14 Number 3 (June 2022) 417-422
25. Egamberdiev, Sharof & Ulloa, Mauricio & Saha, Sukumar & Salakhutdinov, Ilkhom & Abdullaev, Alisher & Glukhova, Ludmila & Adylova, Azoda & Scheffler, Brain & Jenkins, Johnie & Abdurakhmonov, Ibrokhim. (2013). Molecular Characterization of Uzbekistan Isolates of *Fusarium oxysporum* f. sp. vasinfectum. Journal of Plant Science and Molecular Breeding. 2. 10.7243/2050-2389-2-3.
26. Jobe TO, Abdurakhmonov IY, Ulloa M, Fokar M, Buriev ZT, Shermatov SE, Makamov AK, Usmanov DE, Darmanov MM, Broders K, Ellis ML. Molecular Characterization of *Fusarium* Isolates from Upland Cotton Roots in Uzbekistan and Whole-Genome Comparison with Isolates from the United States. Phytopathology. 2025 Jan;115(1):54-65. doi: 10.1094/PHYTO-04-24-0152-R. Epub 2025 Jan 13. PMID: 39387555.