YANGI NAVLARNI YARATISHDA SELEKSIYA USULLARI

Ummatova O'g'iloy Shog'darovna
Surxandaryo Viloyati Denov tumani 108- maktab biologiya o'qituvchisi
E-mail: ummatova031@gmail.com
https://doi.org/10.5281/zenodo.22050287

Annotatsiya. Mazkur maqolada qishloq xo'jaligi ekinlarining yangi va istiqbolli navlarini yaratishda qo'llaniladigan zamonaviy seleksiya usullarining nazariy va amaliy asoslari keng yoritilgan. Seleksiya o'simliklarning irsiy o'zgaruvchanligidan maqsadli foydalanish, foydali xo'jalik belgilariga ega genotiplarni tanlash, ularni ko'paytirish va muayyan ekologik sharoitlarda sinash orqali yangi navlar yaratishga qaratilgan kompleks ilmiy-amaliy jarayon sifatida tahlil qilingan. Maqolada individual va ommaviy tanlash, gibridizatsiya, chatishtirish turlari, mutatsion seleksiya, poliploidiya, introduksiya, klonal seleksiya, uzoq formalarni chatishtirish, geterozisdan foydalanish, backcross va rekurrent seleksiya kabi an'anaviy usullar bilan bir qatorda markerga asoslangan seleksiya, genomik seleksiya, genom tahriri va boshqa biotexnologik yondashuvlarning imkoniyatlari ko'rib chiqilgan. Shuningdek, seleksiya jarayonining boshlang'ich materialni tanlashdan tortib yangi navni davlat nav sinovlariga topshirishgacha bo'lgan bosqichlari tizimlashtirilgan. Iqlim o'zgarishi, qurg'oqchilik, sho'rlanish, yuqori harorat, kasallik va zararkunandalarga chidamlilik kabi zamonaviy muammolar yangi navlarga qo'yiladigan talablarni kuchaytirayotgani asoslangan. Tadqiqot natijasida klassik seleksiya usullarini molekulyar-genetik texnologiyalar bilan integratsiyalash yangi nav yaratish jarayonini tezlashtirish, seleksiya aniqligini oshirish va genetik resurslardan samarali foydalanishning muhim sharti ekanligi xulosalangan.

Kalit so'zlar: seleksiya, yangi nav, o'simlik genetikasi, irsiy o'zgaruvchanlik, tanlash, gibridizatsiya, mutatsion seleksiya, poliploidiya, geterozis, introduksiya, markerga asoslangan seleksiya, genomik seleksiya, genom tahriri, genofond, genetik resurslar.

Abstract. This article provides a comprehensive analysis of theoretical and practical approaches to breeding new crop varieties. Plant breeding is considered as an integrated scientific process aimed at exploiting heritable variation, selecting genotypes with desirable agronomic traits, multiplying superior material, and testing promising genotypes under target environmental conditions. Traditional methods, including mass and individual selection, hybridization, backcrossing, recurrent selection, mutation breeding, polyploidy, introduction, clonal selection, distant hybridization, and heterosis breeding, are examined alongside modern approaches such as marker-assisted selection, genomic selection, molecular breeding, and genome editing. The stages of variety development, from the identification and evaluation of breeding materials to multi-environment testing and variety registration, are systematically described. Particular attention is paid to breeding for drought tolerance, salinity tolerance, heat resistance, disease and pest resistance, yield stability, nutritional quality, and resource-use efficiency. The analysis demonstrates that the integration of conventional breeding with molecular and genomic technologies can significantly improve

selection accuracy, shorten breeding cycles, and increase the efficiency of utilizing genetic resources. The article emphasizes the importance of combining genetic diversity, phenotypic evaluation, molecular markers, modern biotechnology, and multi-environment testing for developing high-yielding, stable, climate-resilient, and economically valuable varieties.

Keywords: plant breeding, new varieties, genetics, heritable variation, selection, hybridization, mutation breeding, polyploidy, heterosis, introduction, marker-assisted selection, genomic selection, genome editing, germplasm, genetic resources.

Аннотация. В данной статье широко рассматриваются теоретические и практические основы современных методов селекции, используемых для создания новых и перспективных сортов сельскохозяйственных культур. Селекция анализируется как сложный научно-практический процесс, направленный на целенаправленное использование генетической изменчивости растений, отбор генотипов с полезными экономическими признаками, их размножение и тестирование в специфических условиях окружающей среды для создания новых сортов. В статье рассматриваются возможности маркерной селекции, геномной селекции, редактирования генома и других биотехнологических подходов, наряду с традиционными методами, такими как индивидуальная и массовая селекция, гибридизация, скрещивание, мутационная селекция, полиплоидия, интродукция, клональная селекция, скрещивание длинных форм, использование гетерозиса, обратное скрещивание и рекуррентная селекция. Также систематизированы этапы селекционного процесса, от отбора исходного материала до представления нового сорта на государственные сортовые испытания. Это основано на том факте, что современные проблемы, такие как изменение климата, засуха, засоление, высокие температуры, устойчивость к болезням и вредителям, повышают требования к новым сортам. В исследовании сделан вывод о том, что интеграция классических методов селекции с молекулярно-генетическими технологиями является важным условием для ускорения процесса создания новых сортов, повышения точности отбора и эффективного использования генетических ресурсов.

Ключевые слова: отбор, новый сорт, генетика растений, генетическая изменчивость, отбор, гибридизация, мутационный отбор, полиплоидия, гетерозис, интродукция, отбор на основе маркеров, геномный отбор, редактирование генома, генофонд, генетические ресурсы.

KIRISH

Qishloq xo‘jaligini barqaror rivojlantirish, aholini yetarli miqdorda va sifatli oziq-ovqat mahsulotlari bilan ta’minlash, agrar ishlab chiqarishning iqtisodiy samaradorligini oshirish hamda tabiiy resurslardan oqilona foydalanish bugungi kunning eng muhim global vazifalaridan biridir. Ushbu vazifalarni hal etishda qishloq xo‘jaligi ekinlarining hosildorligi, mahsulot sifati va ekologik moslashuvchanligini oshirishga qaratilgan seleksiya tadqiqotlari alohida ilmiy-amaliy ahamiyat kasb etadi. Ayniqsa, iqlim o‘zgarishi, suv resurslarining cheklanishi, tuproq degradatsiyasi va sho‘rlanishi, yuqori haroratning kuchayishi, yangi kasallik va zararkunandalarning tarqalishi sharoitida mavjud navlarning biologik imkoniyatlarini takomillashtirish hamda yangi navlarni yaratish zarurati tobora ortib

bormoqda. Zamonaviy ilmiy tadqiqotlarda o‘simlik seleksiyasi oziq-ovqat xavfsizligi va iqlimga moslashuvchan qishloq xo‘jaligini ta’minlovchi asosiy ilmiy vositalardan biri sifatida baholanmoqda. Yangi navlarni yaratish jarayoni o‘simliklarning irsiyati va o‘zgaruvchanligi qonuniyatlariga asoslangan murakkab va ko‘p bosqichli ilmiy jarayondir. Seleksiyaning mohiyati mavjud genetik xilma-xillikni aniqlash, undan amaliy jihatdan qimmatli belgilarni ajratib olish, turli genotiplar o‘rtasida kerakli kombinatsiyalarni shakllantirish va foydali belgilarni avlodlarda mustahkamlashdan iborat. Bunda seleksionerning asosiy vazifasi muayyan hududning ekologik sharoitiga, ishlab chiqarish talablariga va iste’molchilar ehtiyojlariga javob beradigan genotipni yaratishdan iborat bo‘ladi. Shuning uchun zamonaviy nav tushunchasi faqat yuqori hosildorlik bilan chegaralanmaydi; navning hosildorlik barqarorligi, kasallik va zararkunandalarga chidamliligi, qurg‘oqchilik va issiqlikka bardoshliligi, sho‘rlangan tuproqlarga moslashuvi, mahsulot sifati, saqlanuvchanligi hamda mexanizatsiyalashgan texnologiyalarga mosligi ham muhim seleksion belgilar hisoblanadi.

O‘simlik genetik resurslari yangi navlarni yaratishning fundamental biologik asosini tashkil etadi. FAO ma’lumotlariga ko‘ra, o‘simlik genetik resurslariga mahalliy navlar, zamonaviy navlar, yovvoyi qarindosh turlar, seleksiya liniyalari, ilg‘or genotiplar, urug‘lar va boshqa o‘simlik materiallari kiradi. Mazkur resurslar yangi navlarning hosildorligi, oziqaviy qiymati, ekologik moslashuvchanligi va stresslarga chidamliligini oshirish uchun zarur bo‘lgan genetik belgilar manbai hisoblanadi. Genetik xilma-xillik seleksiya jarayonining eng muhim shartlaridan biridir. Seleksiya populyatsiyasida genetik xilma-xillik qanchalik keng bo‘lsa, seleksioner uchun kerakli belgilar kombinatsiyasiga ega genotipni topish imkoniyati shunchalik yuqori bo‘ladi. Aksincha, genetik bazaning torayishi yangi kasalliklar, zararkunandalar yoki iqlimiy stresslar paydo bo‘lganda ekinlarning biologik zaifligini oshirishi mumkin. FAO o‘simlik genetik xilma-xilligining qisqarishini, ya’ni genetik eroziyani zamonaviy qishloq xo‘jaligi uchun muhim xavflardan biri sifatida qayd etadi. Mahalliy navlarning zamonaviy navlar bilan almashtirilishi, yashash muhitining o‘zgarishi, iqlim o‘zgarishi va boshqa omillar genetik resurslarning kamayishiga olib kelishi mumkin. Shu sababli yangi nav yaratishda genetik resurslarni saqlash, o‘rganish, tavsiflash va seleksiya dasturlariga jalb etish bir-biri bilan uzviy bog‘liq jarayonlar sifatida qaralishi lozim. Genbanklarda saqlanayotgan namunalar, mahalliy dehqonchilik tajribasida uzoq vaqt davomida shakllangan navlar, yovvoyi qarindosh turlar va seleksiya liniyalari zamonaviy seleksiya uchun qimmatli genetik material bo‘lib xizmat qiladi. Ayniqsa, ekstremal ekologik sharoitlarda shakllangan mahalliy genotiplar qurg‘oqchilik, issiqlik, sovuq, sho‘rlanish va boshqa stresslarga moslashgan genlarni saqlashi mumkin. Iqlim o‘zgarishi yangi navlarga qo‘yiladigan talablarni tubdan o‘zgartirmoqda. Haroratning ortishi, yog‘ingarchilik rejimining beqarorlashuvi, uzoq davom etuvchi qurg‘oqchilik davrlarining kuchayishi va ekstremal ob-havo hodisalarining ko‘payishi qishloq xo‘jaligi ekinlarining hosildorligi va mahsulot sifatiga salbiy ta’sir ko‘rsatishi mumkin. Shu bois zamonaviy seleksiya dasturlarida qurg‘oqchilikka, yuqori haroratga, sho‘rlanishga, sovuqqa, suv bosishiga hamda kasallik va zararkunandalarga chidamli genotiplarni yaratish ustuvor yo‘nalishlardan biriga aylanmoqda. FAO ham iqlim o‘zgarishiga moslashishda genetik resurslardan samarali foydalanish va stresslarga chidamli navlarni yaratish muhimligini ta’kidlaydi.

O‘zbekiston qishloq xo‘jaligi uchun ham ushbu masala alohida ahamiyatga ega. Mamlakatning kontinental va nisbatan quruq iqlimi, ayrim hududlarda suv resurslarining cheklanganligi, tuproq sho‘rlanishi va yuqori yozgi haroratlar qishloq xo‘jaligi ekinlarining hosildorligiga ta’sir etuvchi asosiy omillardan hisoblanadi. Shu nuqtayi nazardan, O‘zbekiston sharoitida yangi navlarni yaratish nafaqat yuqori hosildorlikka, balki suvdan samarali foydalanish, qurg‘oqchilikka chidamlilik, issiqlikka bardoshlilik, sho‘rlangan tuproqlarga moslashuv va kasalliklarga chidamlilik kabi belgilar majmuasiga yo‘naltirilishi lozim. FAO materiallarida ham O‘zbekiston iqlim o‘zgarishiga moslashish ustuvorliklari qatorida ekinlarni diversifikatsiya qilish, mahalliy o‘simlik genetik resurslarini saqlash, qurg‘oqchilik, zararkunanda va kasalliklarga chidamli ekinlarni yaratish, biotexnologiyalarni rivojlantirish hamda yangi sharoitga mos navlarni yaratishni ko‘rsatgan mamlakatlardan biri sifatida qayd etilgan. Seleksiya tarixiy jihatdan tabiiy va sun’iy tanlashdan boshlangan bo‘lsa-da, hozirgi davrda u ko‘plab fanlarning integratsiyasiga asoslangan kompleks ilmiy yo‘nalishga aylandi. Klassik seleksiyaning ommaviy va individual tanlash, gibridizatsiya, qayta chatishtirish, geterozis, mutatsion seleksiya, poliploidiya, uzoq formalarni chatishtirish, introduksiya va klonal seleksiya kabi usullari hozir ham o‘z ilmiy va amaliy ahamiyatini saqlab qolgan. Ushbu usullar orqali mavjud genetik xilma-xillikdan foydalanish va kerakli belgilarni bir genotipda birlashtirish imkoniyati yaratiladi. Biroq an’anaviy seleksiya usullari ayrim hollarda katta vaqt, maydon, mehnat va moddiy resurslarni talab qiladi. Ayniqsa hosildorlik, qurg‘oqchilikka chidamlilik, issiqlikka bardoshlilik va boshqa murakkab miqdoriy belgilar ko‘plab genlar hamda tashqi muhit omillarining o‘zaro ta’siri bilan belgilanadi. Shu sababli bunday belgilar bo‘yicha faqat tashqi fenotipga asoslangan tanlashning aniqligi cheklanishi mumkin. Zamonaviy ilmiy adabiyotlarda seleksiya samaradorligini oshirish uchun genotiplash, yuqori unumli fenotiplash va muhit omillarini hisobga olishning integratsiyalashgan yondashuvlari muhimligi qayd etilmoqda. Molekulyar genetika va genomika fanlarining rivojlanishi seleksiya jarayoniga yangi imkoniyatlarni olib kirdi. Molekulyar markerlar yordamida ma’lum genlar yoki miqdoriy belgilar lokuslari bilan bog‘liq genetik variantlarni aniqlash, kerakli allellarga ega o‘simliklarni fenotip to‘liq namoyon bo‘lishidan oldin saralash imkoniyati paydo bo‘ldi. Markerga asoslangan seleksiya, ayniqsa kasalliklarga chidamlilik, mahsulot sifati va muayyan genetik belgilarni boshqarishda seleksiya samaradorligini oshirishi mumkin. So‘nggi yillarda genomik seleksiya ham o‘simliklar seleksiyasining istiqbolli yo‘nalishlaridan biriga aylandi. Ushbu usul genom bo‘ylab joylashgan ko‘plab markerlardan foydalanib, seleksiya materiallarining genetik qiymatini statistik modellar asosida prognozlashga imkon beradi. 2024-yilda chop etilgan keng qamrovli sharhda genomik seleksiyaning so‘nggi yigirma yildagi rivojlanishi, trening populyatsiyasi, genetik xilma-xillik va genomik bashorat aniqligi o‘rtasidagi bog‘liqliklar tahlil qilingan hamda ushbu yondashuvning seleksiya jarayonidagi genetik yutuqlarni tezlashtirish imkoniyati ko‘rsatilgan. Genomik seleksiyaning ahamiyati ayniqsa murakkab miqdoriy belgilar bilan ishlashda namoyon bo‘ladi. Hosildorlik, qurg‘oqchilikka chidamlilik, issiqlikka bardoshlilik va boshqa murakkab belgilar ko‘plab genlarning kichik ta’sirlari hamda muhit bilan o‘zaro munosabatlari natijasida shakllanadi. Genomik bashorat ushbu genetik murakkablikni hisobga olish orqali seleksiya populyatsiyasidan istiqbolli genotiplarni erta bosqichda ajratish imkoniyatini kengaytiradi. Bundan tashqari, yuqori unumli fenotiplash, raqamli tasvirlash, masofadan zondlash, dronlar, sensorlar va sun’iy

intellekt texnologiyalarining rivojlanishi seleksiya jarayonida o‘simliklarning fenotipik xususiyatlarini tez va katta miqyosda baholash imkonini bermoqda. Bu esa genotip va fenotip o‘rtasidagi bog‘liqlikni yanada chuqurroq o‘rganish, muhit ta’sirini aniqlash va seleksiya qarorlarini ilmiy asoslashga xizmat qiladi. Genom tahriri, jumladan CRISPR/Cas kabi texnologiyalar esa seleksiyada muayyan genlarning funksiyasini maqsadli o‘zgartirish imkonini beruvchi yangi bosqichni shakllantirmoqda. Bunday texnologiyalar yordamida kasalliklarga chidamlilik, stresslarga bardoshlilik, mahsulot sifati yoki boshqa muhim belgilarni yaxshilashning yangi imkoniyatlari paydo bo‘lmoqda. Shu bilan birga, genom tahriri texnologiyalarini qo‘llashda biologik xavfsizlik, ekologik ta’sir, genetik barqarorlik va amaldagi huquqiy-me’yoriy talablarni hisobga olish muhimdir. Yangi navlarni yaratishda seleksiya usulini tanlash muayyan ekinning biologik xususiyatlari, ko‘payish tipi, seleksion maqsad, belgilarning irsiylanish xususiyatlari va ekologik sharoitga bog‘liq. O‘zidan changlanadigan ekinlarda individual tanlash va gibridizatsiya muhim o‘rin tutsa, chetdan changlanadigan ekinlarda geterozis seleksiyasi, rekurrent seleksiya va populyatsion yondashuvlar keng imkoniyatlar yaratadi. Vegetativ ko‘payadigan ekinlarda esa klonal seleksiya samarali usullardan biri bo‘lib xizmat qiladi. Seleksiya samaradorligini baholashda faqat bitta belgiga tayanish ham yetarli emas. Zamonaviy nav bir vaqtning o‘zida bir nechta talabga javob berishi kerak. Masalan, yuqori hosildorlikka ega, ammo qurg‘oqchilikka chidamsiz nav suv taqchilligi mavjud hududlarda kutilgan natijani bermasligi mumkin. Xuddi shuningdek, kasallikka chidamli, ammo mahsulot sifati past navning iqtisodiy qiymati cheklangan bo‘lishi mumkin. Shuning uchun zamonaviy seleksiyada hosildorlik + sifat + chidamlilik + moslashuvchanlik + resurslardan foydalanish samaradorligi kabi belgilar majmuasi asosida kompleks tanlash tamoyili ustuvor ahamiyat kasb etmoqda.

Mazkur masalaning dolzarbligi O‘zbekiston qishloq xo‘jaligi uchun ham yuqori bo‘lib, mamlakat sharoitida suvni tejovchi texnologiyalar bilan uyg‘unlashadigan, qurg‘oqchilik va issiqlikka chidamli, sho‘rlangan tuproqlarda hosildorligini saqlay oladigan, kasallik va zararkunandalarga bardoshli hamda yuqori sifatli mahsulot beradigan yangi navlarni yaratish zarurati mavjud. Bunday navlarni yaratish mahalliy genetik resurslardan oqilona foydalanish, ilg‘or seleksiya metodlarini joriy etish va zamonaviy biotexnologik yondashuvlarni rivojlantirish bilan bevosita bog‘liq. Shunday qilib, yangi navlarni yaratishda seleksiya usullarini takomillashtirish qishloq xo‘jaligi ishlab chiqarishining hosildorligi, barqarorligi va raqobatbardoshligini oshirishning muhim ilmiy omillaridan biridir. Klassik seleksiya tajribasini molekulyar genetika, genomika, yuqori unumli fenotiplash, bioinformatika va raqamli texnologiyalar bilan integratsiyalash kelajakda qisqaroq vaqt ichida yuqori genetik qiymatga ega, ekologik jihatdan moslashuvchan va iqtisodiy samarador navlarni yaratish imkonini beradi. Shu sababli mazkur maqolada yangi navlarni yaratishda qo‘llaniladigan an’anaviy va zamonaviy seleksiya usullarining ilmiy mohiyati, afzalliklari, cheklovlari va amaliy imkoniyatlarini kompleks tahlil qilish maqsad qilib qo‘yiladi.

Tadqiqotning asosiy maqsadi — qishloq xo‘jaligi ekinlarining yangi navlarini yaratishda qo‘llaniladigan klassik va zamonaviy seleksiya usullarining ilmiy-nazariy asoslarini tahlil qilish, ularning samaradorligini belgilovchi omillarni aniqlash hamda O‘zbekistonning o‘ziga xos tuproq-iqlim sharoitida istiqbolli seleksiya yo‘nalishlarini asoslashdan iborat. Tadqiqot natijalari seleksiya dasturlarini shakllantirish, boshlang‘ich materiallarni tanlash, istiqbolli genotiplarni baholash va yangi navlarni yaratish

strategiyalarini ishlab chiqishda foydalanilishi mumkin. Ayniqsa, O‘zbekistonning qurg‘oqchil, issiq va ayrim hududlarda sho‘rlangan tuproq sharoitlariga mos navlarni yaratishda mahalliy genetik resurslar, klassik seleksiya, markerga asoslangan seleksiya va genomik yondashuvlarni uyg‘unlashtirish amaliy jihatdan istiqbolli yo‘nalish hisoblanadi.

ADABIYOTLAR TAHLILI

O‘simliklar seleksiyasi va yangi navlarni yaratish masalalari genetika, botanika, o‘simlikshunoslik, biotexnologiya va qishloq xo‘jaligi fanlarining tutashgan nuqtasida shakllangan muhim ilmiy yo‘nalishlardan biridir. Seleksiya nazariyasi va amaliyotining rivojlanishi davomida o‘simliklarning irsiyati va o‘zgaruvchanligi, tabiiy hamda sun’iy tanlash, gibridizatsiya, mutagenez, poliploidiya, geterozis, genetik markerlar va genomik texnologiyalardan foydalanishga asoslangan turli metodologik yondashuvlar ishlab chiqilgan. Zamonaviy tadqiqotlarda esa ushbu usullar genomika, bioinformatika, yuqori unumli fenotiplash va genom tahriri texnologiyalari bilan integratsiyalashib bormoqda.

Seleksiyaning nazariy va genetik asoslari. Yangi navlarni yaratishning fundamental nazariy asosi o‘simliklarning irsiyati va o‘zgaruvchanligi bilan bog‘liq. Seleksiya jarayonida foydali irsiy o‘zgarishlarni aniqlash, ularni tanlash va keyingi avlodlarda mustahkamlash asosiy vazifa hisoblanadi. Klassik genetika doirasida shakllangan nazariy qarashlar seleksionerga belgilar qanday irsiylanishini, dominant va retsessiv allellarning o‘zaro munosabatini, rekombinatsiya va segregatsiya jarayonlarini tushunish imkonini berdi. An’anaviy seleksiya konsepsiyasida genetik xilma-xillik seleksiya samaradorligining asosiy sharti sifatida qaraladi. Seleksiya populyatsiyasidagi genetik farqlar qanchalik keng bo‘lsa, kerakli xo‘jalik-biologik belgilarni birlashtirgan yangi genotiplarni olish ehtimoli shunchalik yuqori bo‘ladi. Shu jihatdan seleksiya materiallarini to‘plash, genetik jihatdan tavsiflash va baholash yangi nav yaratish dasturining boshlang‘ich bosqichi hisoblanadi. FAOning zamonaviy materiallarida o‘simlik genetik resurslari nafaqat madaniy ekinlarning zamonaviy navlari, balki mahalliy navlar, fermer navlari, landraslar, yovvoyi qarindosh turlar va seleksiya materiallarini ham qamrab olishi qayd etilgan. Mazkur resurslar kasalliklar, zararkunandalar, qurg‘oqchilik, iqlim o‘zgarishi va boshqa stresslarga chidamlilikni ta’minlaydigan qimmatli genetik belgilar manbai sifatida baholanadi. Fu tomonidan olib borilgan tadqiqotlarda zamonaviy seleksiya jarayonining ekinlarning genetik xilma-xilligiga ta’siri tahlil qilinib, yuqori hosildorlikka intilish ayrim hollarda genetik bazaning torayishiga olib kelishi mumkinligi ko‘rsatilgan. Muallif barqaror qishloq xo‘jaligi uchun hosildorlikni oshirish bilan bir qatorda genetik xilma-xillikni saqlash zarurligini ta’kidlaydi. Mazkur yondashuv ayniqsa zamonaviy iqlim sharoitida dolzarbdir. Chunki genetik jihatdan bir xil yoki tor genetik bazaga ega navlar yangi kasallik, zararkunanda yoki ekstremal ekologik sharoit yuzaga kelganda yuqori xavf ostida qolishi mumkin. FAO ma’lumotlariga ko‘ra, mahalliy navlar va yovvoyi qarindosh turlar ko‘pincha muayyan ekologik sharoitlarga moslashgan bo‘lib, ulardagi foydali allellar kelajakdagi seleksiya dasturlari uchun katta ahamiyatga ega.

Tanlash usullarining ilmiy adabiyotlarda yoritilishi. Seleksiyaning eng qadimgi va keng tarqalgan metodlaridan biri tanlash usuli hisoblanadi. Adabiyotlarda tanlashning ommaviy, individual va oilaviy shakllari ajratib ko‘rsatiladi. Ommaviy tanlashda fenotipik jihatdan qimmatli belgilarni namoyon qiluvchi o‘simliklar guruh holida tanlanadi va ularning

urug‘lari keyingi avlodni shakllantirish uchun ishlatiladi. Individual tanlashda esa har bir o‘simlik alohida baholanadi va uning avlodlari bo‘yicha genetik qiymati aniqlanadi. Tanlash usullarining samaradorligi belgining irsiylanish darajasiga, muhit ta’siriga va seleksiya populyatsiyasining genetik xilma-xilligiga bog‘liq. Oddiy va yuqori irsiylanadigan belgilar bo‘yicha fenotipik tanlash nisbatan samarali bo‘lishi mumkin. Biroq hosildorlik, qurg‘oqchilikka chidamlilik, issiqlikka bardoshlilik kabi murakkab miqdoriy belgilar ko‘plab genlar va muhit omillarining birgalikdagi ta’siri bilan shakllangani sababli ularni faqat tashqi fenotip asosida tanlash murakkab hisoblanadi. Shu sababli zamonaviy adabiyotlarda fenotipik tanlashni molekulyar markerlar, genomik ma’lumotlar va ko‘p muhitli sinovlar bilan birlashtirishga alohida e’tibor qaratilmoqda.

Gibridizatsiya va kombinativ seleksiya. Yangi navlarni yaratishda gibridizatsiya seleksiyaning eng muhim klassik usullaridan biridir. Ushbu metod genetik jihatdan farqli ota-ona shakllarini chatishtirish orqali ularning foydali belgilarini bitta avlodda birlashtirishga asoslanadi. Gibridizatsiyaning asosiy afzalligi shundan iboratki, seleksioner ikki yoki undan ortiq ota-ona shakllarining turli foydali xususiyatlarini kombinatsiyalash imkoniyatiga ega bo‘ladi. Masalan, bir nav yuqori hosildorlikka, ikkinchisi kasalliklarga chidamlilikka, uchinchisi esa qurg‘oqchilikka bardoshlilikka ega bo‘lsa, ularni seleksiya jarayonida chatishtirish orqali ushbu belgilarni birlashtiruvchi genotip olishga harakat qilinadi. Biroq gibridizatsiya jarayonida foydali belgilar bilan bir qatorda salbiy belgilar ham avlodlarga o‘tishi mumkin. Shuning uchun duragay avlodlarda katta miqdordagi segregatsion populyatsiyalarni shakllantirish va ko‘p bosqichli tanlash talab etiladi. Bu esa seleksiya jarayonining vaqt va resurs talabini oshiradi.

Geterozis va duragay navlar yaratish. Seleksiya adabiyotlarida geterozis hodisasiga asoslangan duragay navlar yaratish alohida yo‘nalish sifatida qaraladi. Geterozisda duragay avlod ota-ona shakllariga nisbatan hosildorlik, hayotiylik, o‘sish tezligi yoki boshqa biologik ko‘rsatkichlar bo‘yicha ustunlik namoyon qilishi mumkin. Mazkur usul makkajo‘xori, kungaboqar, sabzavot va boshqa qator ekinlarda yuqori samaradorlik ko‘rsatgan. Geterozis seleksiyasining asosiy afzalligi qisqa muddatda yuqori mahsuldorlikka ega duragaylarni olish imkoniyatidir. Biroq duragay urug‘likning keyingi avlodlarida genetik ajralish yuz berishi sababli ishlab chiqaruvchi uchun har bir ekish mavsumida sifatli gibrid urug‘likka ehtiyoj tug‘iladi. Shu jihatdan geterozis seleksiyasi nafaqat biologik, balki iqtisodiy va urug‘chilik tizimi bilan bog‘liq jarayon sifatida ham qaralishi kerak.

Mutatsion seleksiya va genetik o‘zgaruvchanlik. Yangi navlarni yaratishda mutatsion seleksiya ham muhim usullardan biridir. Ushbu yondashuv tabiiy yoki sun’iy mutatsiyalar natijasida yuzaga keladigan genetik o‘zgarishlardan seleksiya maqsadlarida foydalanishga asoslanadi. Sun’iy mutatsiyalarni hosil qilish uchun fizik va kimyoviy mutagenlardan foydalanish mumkin. Hosil bo‘lgan mutant materiallar orasidan seleksiya uchun foydali belgilarni namoyon qiladigan o‘simliklar tanlab olinadi. Mazkur usul ayniqsa mavjud genetik fondida kerakli belgi uchramaydigan holatlarda yangi o‘zgaruvchanlik manbaini yaratish imkonini beradi. Biroq mutatsion seleksiyaning asosiy muammosi mutatsiyalarning ko‘p hollarda tasodifiy xarakterga ega ekanligi bilan bog‘liq. Kerakli mutatsiyani topish uchun katta miqdordagi materialni tekshirish talab qilinishi mumkin.

Molekulyar markerlarga asoslangan seleksiya. Molekulyar genetikaning rivojlanishi bilan seleksiya jarayoniga markerga asoslangan seleksiya (MAS) keng joriy qilina boshlandi.

Ushbu yondashuvda ma’lum gen yoki foydali belgi bilan bog‘liq molekulyar markerlardan foydalanib, istiqbolli o‘simliklarni fenotipik belgilari to‘liq namoyon bo‘lishidan oldin aniqlash mumkin. Molekulyar markerlarning asosiy afzalligi seleksiya jarayonining aniqligini oshirish va vaqtni qisqartirishdir. Ayniqsa kasalliklarga chidamlilik, mahsulot sifati yoki muayyan gen tomonidan nazorat qilinadigan belgilarni tanlashda markerga asoslangan seleksiya katta imkoniyat beradi. Biroq adabiyotlarda MASning murakkab miqdoriy belgilar bo‘yicha imkoniyatlari nisbatan cheklanganligi ham qayd etiladi. Sahoo va hammualliflar genomik seleksiya bo‘yicha sharhida markerga asoslangan seleksiya bir yoki bir nechta katta ta’sirli genlar tomonidan boshqariladigan sifat belgilarida samarali bo‘lishi mumkinligini, ko‘plab kichik ta’sirli genlar nazorat qiladigan miqdoriy belgilar bo‘yicha esa uning samarasi nisbatan cheklanganligini ko‘rsatadi.

Genomik seleksiyaning shakllanishi. So‘nggi yillarda genomik seleksiya (Genomic Selection — GS) yangi navlarni yaratish jarayonini tezlashtiruvchi istiqbolli metodlardan biri sifatida shakllandi. Crossa va hammualliflar genomik seleksiya orqali genom bo‘ylab joylashgan ko‘plab markerlardan foydalanib, seleksiya qilinayotgan genotiplarning genetik qiymatini oldindan prognozlash mumkinligini ko‘rsatgan. Bu yondashuv seleksiya siklini qisqartirish va genetik yutuqlarni tezlashtirish imkonini beradi. Wang va hammualliflarning tadqiqotlarida genomik seleksiya marker va fenotip ma’lumotlari asosida sinovdan o‘tkazilmagan populyatsiyalarning genetik qiymatini prognozlash imkonini berishi qayd etiladi. Mualliflar GBLUP, Bayes modellari va mashinali o‘qitish algoritmlaridan foydalanish orqali bashorat aniqligini oshirish imkoniyatlarini tahlil qilgan. Alemu va hammualliflarning 2024-yildagi tadqiqoti genomik seleksiyaning yigirma yillik rivojlanishini umumlashtirib, trening populyatsiyasining hajmi, genetik xilma-xillik, markerlarning zichligi, bog‘lanish nomutanosibligi, belgining irsiylanishi va statistik/mashinali o‘qitish modellarini genomik bashorat aniqligiga ta’sir qiluvchi muhim omillar sifatida ko‘rsatadi. Bu xulosalar shuni ko‘rsatadiki, zamonaviy seleksiya faqat “eng yaxshi o‘simlikni tanlash” bilan chegaralanmaydi. Endilikda seleksioner genotipning genomik profilidan foydalanib, uning kelajakdagi seleksion qiymatini ham prognoz qilishi mumkin.

Yuqori unumli fenotiplash va raqamli seleksiya. Zamonaviy seleksiya tadqiqotlarida yuqori unumli fenotiplash texnologiyalari ham katta ahamiyat kasb etmoqda. Mazkur texnologiyalar o‘simliklarning o‘sishi, barg maydoni, biomassa, rang, ildiz tizimi, pishish muddati va stresslarga javob reaksiyalarini katta miqyosda o‘lchash imkonini beradi. An’anaviy fenotiplash ko‘p vaqt va mehnat talab qilsa, raqamli tasvirlash, sensorlar, dronlar va masofadan zondlash texnologiyalari bir vaqtning o‘zida yuzlab yoki minglab o‘simliklarni baholash imkoniyatini kengaytiradi. Bu yondashuv genomik seleksiya bilan birlashtirilganda yanada katta imkoniyat yaratadi. Chunki genomik ma’lumot genotipning potensial qiymatini, yuqori unumli fenotiplash esa uning real ekologik sharoitdagi namoyon bo‘lishini baholashga xizmat qiladi.

Genom tahriri va yangi avlod seleksiyasi. O‘simliklar seleksiyasining eng yangi yo‘nalishlaridan biri genom tahriri hisoblanadi. Ayniqsa CRISPR/Cas tizimlarining rivojlanishi muayyan genlarni maqsadli o‘zgartirish imkonini berdi. Ikram va hammualliflarning 2024-yildagi sharhida CRISPR/Cas9 texnologiyasi an’anaviy seleksiyadan molekulyar seleksiyaga o‘tish jarayonining muhim bosqichlaridan biri sifatida

baholanadi. Mualliflar ushbu texnologiyaning hosildorlik, kasalliklarga chidamlilik, mahsulot sifati va stresslarga bardoshlilik kabi belgilarni yaxshilashdagi imkoniyatlarini tahlil qilgan. Li va hammualliflar esa 2024-yilda genomni maqsadli o‘zgartirish texnologiyalarining rivojlanishini batafsil tahlil qilib, CRISPR tizimlari bilan bir qatorda base editing va prime editing kabi aniqroq genom tahriri yondashuvlari ham shakllanayotganini ko‘rsatgan. Ushbu texnologiyalar o‘simlik genomidagi kichik nukleotid o‘zgarishlaridan tortib murakkabroq genetik modifikatsiyalargacha bo‘lgan jarayonlarni boshqarish imkoniyatini kengaytirmoqda. Shu bilan birga, genom tahriri texnologiyalarini amaliy seleksiyaga joriy etishda biologik xavfsizlik, off-target o‘zgarishlar, genetik barqarorlik, ekologik xavfsizlik va huquqiy-me’yoriy masalalarni hisobga olish zarurligi ilmiy adabiyotlarda alohida ta’kidlanadi.

O‘zbekiston sharoitida seleksiya tadqiqotlarining ahamiyati. O‘zbekiston sharoitida yangi navlarni yaratish masalasi mamlakatning tabiiy-iqlim xususiyatlari bilan bevosita bog‘liq. Qishloq xo‘jaligida suv resurslarining cheklanganligi, yuqori yozgi harorat, qurg‘oqchilik xavfi va ayrim hududlarda tuproq sho‘rlanishi seleksiya oldiga yangi vazifalarni qo‘ymoqda. Shu sababli mahalliy navlar va genetik resurslardan foydalanish alohida ahamiyat kasb etadi. Mahalliy genotiplar uzoq vaqt davomida muayyan tuproq-iqlim sharoitida tabiiy va sun’iy tanlanish orqali shakllangani sababli ular ayrim stress omillariga moslashgan qimmatli genetik xususiyatlarni saqlashi mumkin. Adabiyotlar tahlili shuni ko‘rsatadiki, O‘zbekiston uchun seleksiya strategiyasini ishlab chiqishda faqat yuqori hosildorlikka emas, balki hosildorlikning barqarorligiga ustuvorlik berish maqsadga muvofiq. Bunda genetik resurslarni saqlash, mahalliy navlarni ilmiy tavsiflash, zamonaviy seleksiya liniyalariga ularni jalb etish va yangi genotiplarni ko‘p muhitli sinovlardan o‘tkazish muhimdir.

O‘rganilgan ilmiy manbalarni umumlashtirish natijasida seleksiya metodlarini shartli ravishda uch asosiy bosqichga ajratish mumkin:

Seleksiya bosqichi	Asosiy usullar	Asosiy afzalligi	Cheklovi
Klassik seleksiya	Tanlash, gibridizatsiya, qayta chatishtirish	Oddiy va amaliy jihatdan sinovdan o‘tgan	Ko‘p vaqt talab qiladi
Molekulyar seleksiya	MAS, DNK markerlari	Muayyan genlarni tez aniqlash	Murakkab miqdoriy belgilar uchun cheklangan
Genomik seleksiya	GS, genomik prognozlash	Seleksiya siklini tezlashtiradi	Katta hajmdagi genotip va fenotip ma’lumotlarini talab qiladi
Genom tahriri	CRISPR/Cas, base editing, prime editing	Maqsadli genetik o‘zgarish	Biologik va me’yoriy masalalar mavjud
Raqamli seleksiya	HT phenotyping, AI, sensorlar	Katta populyatsiyalarni tez baholash	Texnik va ma’lumotlar infratuzilmasi talab etadi

Mazkur adabiyotlar tahlili shuni ko‘rsatadiki, zamonaviy seleksiya metodlari klassik usullarni to‘liq almashtirmaydi, balki ularni to‘ldiradi va samaradorligini oshiradi. Klassik gibridizatsiya genetik xilma-xillikni yaratishda, tanlash esa kerakli fenotiplarni ajratishda muhim bo‘lib qolmoqda. Molekulyar markerlar tanlashni aniqroq amalga oshirishga, genomik seleksiya murakkab miqdoriy belgilar bo‘yicha genetik qiymatni prognozlashga, genom tahriri esa maqsadli o‘zgarishlarni amalga oshirishga xizmat qiladi.

Shu jihatdan, ilmiy adabiyotlarda mavjud yondashuvlarning asosiy ilmiy bo‘shlig‘i — klassik seleksiya, genomik seleksiya, yuqori unumli fenotiplash va genom tahririni muayyan agroekologik sharoitga moslashtirilgan yagona seleksiya tizimiga integratsiya qilish masalasidir. Ayniqsa O‘zbekiston kabi suv resurslari va iqlim stresslari muhim bo‘lgan hududlarda mahalliy genetik resurslarni zamonaviy genomik texnologiyalar bilan uyg‘unlashtirish istiqbolli yo‘nalish sifatida namoyon bo‘ladi. Umuman olganda, ilmiy adabiyotlar tahlili yangi nav yaratish jarayoni evolyutsion ravishda fenotipga asoslangan tanlashdan genotip va fenotipni birgalikda tahlil qiluvchi raqamli-genomik seleksiyaga tomon rivojlanayotganini ko‘rsatadi. Genetik xilma-xillik seleksiyaning asosiy boshlang‘ich resursi bo‘lib qolmoqda; klassik gibridizatsiya va tanlash usullari esa yangi genetik kombinatsiyalarni shakllantirishning muhim vositalaridir. Shu bilan birga, genomik seleksiya seleksiya siklini qisqartirish va murakkab miqdoriy belgilar bo‘yicha genetik yutuqlarni tezlashtirish imkoniyatini bermoqda. 2024-yilgi tadqiqotlar genomik bashorat samaradorligi trening populyatsiyasining hajmi, genetik xilma-xillik, marker zichligi, irsiylanish darajasi va ishlatiladigan statistik modellar bilan chambarchas bog‘liqligini ko‘rsatadi. Genom tahriri esa seleksiyaning kelajakdagi eng istiqbolli yo‘nalishlaridan biri sifatida namoyon bo‘lmoqda. CRISPR/Cas tizimlari, base editing va prime editing kabi texnologiyalar aniq genetik o‘zgarishlarni amalga oshirish imkoniyatini kengaytirmoqda.

Demak, yangi navlarni yaratishning eng samarali modeli “genetik resurs → gibridizatsiya → fenotipik tanlash → molekulyar markerlash → genomik prognozlash → yuqori unumli fenotiplash → ko‘p muhitli sinov → nav sifatida baholash” kabi integratsiyalashgan tizimni shakllantirish bilan bog‘liq. Aynan ushbu yondashuv qishloq xo‘jaligida yuqori hosildor, sifatli, ekologik stresslarga chidamli va barqaror navlarni qisqaroq muddatda yaratish imkoniyatlarini kengaytiradi.

TADQIQOT NATIJALARI VA MUHOKAMASI

Tadqiqot davomida yangi navlarni yaratishda qo‘llaniladigan seleksiya usullari biologik imkoniyatlari, seleksiya siklining davomiyligi, genetik o‘zgaruvchanlikni shakllantirish darajasi, istiqbolli genotiplarni ajratib olish imkoniyati hamda ishlab chiqarish sharoitlariga moslashuvchanligi nuqtayi nazaridan tahlil qilindi. Tahlil natijalari shuni ko‘rsatdiki, seleksiyaning barcha usullari yagona maqsadga — foydali xo‘jalik-biologik belgilar majmuasiga ega bo‘lgan yangi genotiplarni yaratishga xizmat qilsa-da, ularning samaradorligi ekinning biologik xususiyatlari va seleksiya maqsadiga qarab sezilarli darajada farqlanadi. An’anaviy seleksiya usullari, xususan, ommaviy va individual tanlash, gibridizatsiya, qayta chatishtirish, geterozis va mutatsion seleksiya yangi genetik kombinatsiyalarni yaratish va foydali belgilarni avlodlarda mustahkamlashda muhim ahamiyatga ega. Shu bilan birga, molekulyar markerlar, genomik seleksiya, yuqori unumli

fenotiplash va genom tahriri kabi zamonaviy texnologiyalar seleksiya jarayonining aniqligi va tezligini oshirish imkonini beradi.

Tadqiqot natijalari asosida seleksiya usullarining samaradorligi quyidagi mezonlar bo‘yicha baholandi:

- genetik xilma-xillikni kengaytirish imkoniyati;
- kerakli belgilarni aniqlash aniqligi;
- seleksiya siklining davomiyligi;
- katta populyatsiyalarni baholash imkoniyati;
- muhit ta’siriga bog‘liqlik darajasi;
- murakkab miqdoriy belgilarni tanlash samaradorligi;
- ishlab chiqarishga joriy etish imkoniyati.

Ushbu mezonlar bo‘yicha tahlil qilish klassik va zamonaviy seleksiya usullarini bir-biriga qarama-qarshi qo‘yishdan ko‘ra, ularni integratsiyalashgan holda qo‘llash eng yuqori samaradorlikni berishini ko‘rsatdi.

Umuman, tadqiqot natijalari yangi nav yaratishning eng istiqbolli strategiyasi klassik seleksiya usullarini molekulyar genetika, genomika, raqamli fenotiplash va zamonaviy biotexnologiyalar bilan integratsiyalashdan iborat ekanligini ko‘rsatdi. Klassik usullar genetik o‘zgaruvchanlikni shakllantirish va tanlashning asosini tashkil qilsa, zamonaviy texnologiyalar kerakli genotiplarni tezroq va aniqroq aniqlash imkonini beradi. O‘zbekiston sharoitida esa mazkur yondashuvni mahalliy genetik resurslar + qurg‘oqchilik va issiqlikka chidamlilik + suvdan samarali foydalanish + kasalliklarga chidamlilik + yuqori va barqaror hosildorlik tamoyillari asosida shakllantirish maqsadga muvofiqdir. Bunday integratsiyalashgan seleksiya modeli mamlakat qishloq xo‘jaligining iqlim o‘zgarishiga moslashuvchanligini oshirish, resurslardan samarali foydalanish va oziq-ovqat xavfsizligini mustahkamlashga xizmat qilishi mumkin.

XULOSA

Yangi navlarni yaratish qishloq xo‘jaligini barqaror rivojlantirish, oziq-ovqat xavfsizligini ta’minlash, tabiiy resurslardan samarali foydalanish va iqlim o‘zgarishi sharoitida hosildorlikni saqlab qolishning muhim ilmiy-amaliy yo‘nalishlaridan biridir. Tadqiqot davomida yangi nav yaratishda qo‘llaniladigan an’anaviy va zamonaviy seleksiya usullarining imkoniyatlari, ularning afzalliklari va cheklovlari hamda o‘zaro integratsiyalashuv istiqbollari tahlil qilindi. Tadqiqot natijalari shuni ko‘rsatdiki, yangi nav yaratish samaradorligi, eng avvalo, boshlang‘ich genetik materialning xilma-xilligi va seleksiya maqsadining to‘g‘ri belgilanishiga bog‘liq. Genetik xilma-xillik seleksiya uchun asosiy biologik resurs bo‘lib, mahalliy navlar, introduksiya qilingan genotiplar, seleksiya liniyalari, yovvoyi qarindosh turlar va mutant shakllardan samarali foydalanish yangi foydali belgilarni aniqlash imkoniyatini kengaytiradi. Gibridizatsiya usuli turli ota-ona shakllarining foydali belgilarini bir genetik kombinatsiyada birlashtirish imkonini berishi sababli o‘z ahamiyatini saqlab qolmoqda. Ayniqsa, yuqori hosildorlik, qurg‘oqchilikka chidamlilik, kasalliklarga bardoshlilik va mahsulot sifatini bitta genotipda mujassamlashtirishda chatishtirish muhim vosita hisoblanadi. Biroq gibrid avlodlarda yuzaga keladigan genetik ajralish sababli katta populyatsiyalarni shakllantirish, individual tanlash va keyingi avlodlarda barqaror genotiplarni ajratib olish zarur. Ommaviy va individual tanlash

usullarining tahlili shuni ko‘rsatdiki, ularning har biri muayyan seleksiya vazifalarida samarali bo‘lib, amaliyotda ularni bir-birini to‘ldiruvchi metod sifatida qo‘llash maqsadga muvofiq. Ommaviy tanlash katta populyatsiyalarni dastlabki saralashda, individual tanlash esa yuqori seleksion qiymatga ega o‘simliklarni aniqroq ajratishda muhim ahamiyatga ega. Tadqiqotning muhim xulosalaridan biri molekulyar markerlarga asoslangan seleksiyaning an’anaviy fenotipik tanlashni sezilarli darajada to‘ldirishi mumkinligidir. Molekulyar markerlar yordamida ayrim foydali genlar va genetik lokuslar bilan bog‘liq genotiplarni o‘simlikning rivojlanishining dastlabki bosqichlaridayoq aniqlash mumkin. Bu esa seleksiya jarayonining aniqligini oshirish va ortiqcha materiallarni keyingi sinovlardan chiqarib tashlash imkonini beradi. Genomik seleksiya esa ayniqsa hosildorlik, qurg‘oqchilikka chidamlilik, issiqlikka bardoshlilik va boshqa murakkab miqdoriy belgilarni tanlashda istiqbolli yo‘nalish sifatida namoyon bo‘lmoqda. Butun genom bo‘yicha marker ma’lumotlaridan foydalanish genotiplarning seleksion qiymatini oldindan prognoz qilish va istiqbolli materiallarni erta bosqichda ajratish imkonini beradi. Shunday qilib, yangi nav yaratish jarayonini quyidagi integratsiyalashgan tizim asosida tashkil etish maqsadga muvofiq: Genetik resurslar → gibridizatsiya → segregatsion avlodlar → fenotipik tanlash → molekulyar markerlash → genomik seleksiya → raqamli fenotiplash → ko‘p muhitli dala sinovlari → nav sinovi → ishlab chiqarishga joriy etish. Mazkur yondashuv seleksiya siklini qisqartirish, genetik yutuqlarni tezlashtirish, yangi navlarning ekologik moslashuvchanligini oshirish va qishloq xo‘jaligi ishlab chiqarishining barqarorligini ta’minlashga xizmat qiladi. Kelgusida O‘zbekiston sharoitida mahalliy genetik resurslarni chuqur o‘rganish, ularni molekulyar darajada tavsiflash va zamonaviy genomik seleksiya texnologiyalari bilan uyg‘unlashtirish yangi avlod, resurs-tejamkor va iqlimga chidamli navlarni yaratishning muhim ilmiy yo‘nalishlaridan biri bo‘lib qoladi.

FOYDALANILGAN ADABIYOTLAR

1. Acquaah, G. (2012). *Principles of Plant Genetics and Breeding* (2nd ed.). Wiley-Blackwell.
2. Bernardo, R. (2020). *Breeding for Quantitative Traits in Plants* (3rd ed.). Stemma Press.
3. Singh, B. D. (2015). *Plant Breeding: Principles and Methods* (10th ed.). Kalyani Publishers.
4. Singh, P. (2012). *Plant Breeding: Principles and Methods*. Kalyani Publishers.
5. Tester, M., & Langridge, P. (2010). Breeding technologies to increase crop production in a changing world. *Science, 327*(5967), 818–822.
6. Crossa, J., Pérez, P., Hickey, J., et al. (2017). Genomic selection in plant breeding: Methods, models, and perspectives. *Trends in Plant Science, 22*(11), 961–975.
7. Heffner, E. L., Sorrells, M. E., & Jannink, J. L. (2009). Genomic selection for crop improvement. *Crop Science, 49*(1), 1–12.
8. Meuwissen, T. H. E., Hayes, B. J., & Goddard, M. E. (2001). Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. *Genetics, 157*(4), 1819–1829.
9. Jannink, J. L., Lorenz, A. J., & Iwata, H. (2010). Genomic selection in plant breeding: From theory to practice. *Briefings in Functional Genomics, 9*(2), 166–177.
10. Xu, Y., Li, P., Zou, C., et al. (2017). Enhancing genetic gain in the era of molecular breeding. *Journal of Experimental Botany, 68*(10), 2641–2666.

11. Hickey, J. M., Chiurugwi, T., Mackay, I., et al. (2019). Genomic prediction unifies animal and plant breeding programs to form platforms for genetic improvement. *Nature Genetics, 51*, 1309–1317.
12. Zhang, Y., Massel, K., Godwin, I. D., & Gao, C. (2018). Applications and potential of genome editing in crop improvement. *Genome Biology, 19*, 210.
13. Chen, K., Wang, Y., Zhang, R., Zhang, H., & Gao, C. (2019). CRISPR/Cas genome editing and precision plant breeding in agriculture. *Annual Review of Plant Biology, 70*, 667–697.
14. Zhu, H., Li, C., & Gao, C. (2020). Applications of CRISPR–Cas in agriculture and plant biotechnology. *Nature Reviews Molecular Cell Biology, 21*, 661–677.
15. Araus, J. L., Kefauver, S. C., Zaman-Allah, M., Olsen, M. S., & Cairns, J. E. (2018). Translating high-throughput phenotyping into genetic gain. *Trends in Plant Science, 23*(5), 451–466.