

УДК 577.29

doi: 10.21685/2307-9150-2025-2-1

Современные исследования молекулярной идентификации *Fusarium solani*

Ф. С. Раджапов¹, И. Б. Салахутдинов², В. С. Камбурова³,
Э. А. Латыпова⁴, З. Т. Буриев⁵

^{1,2,3,5}Центр геномики и биоинформатики Академии наук
Республики Узбекистан, Ташкентская область, Республика Узбекистан

⁴Пензенский государственный аграрный университет, Пенза, Россия

¹farhod.radjapov@yandex.ru, ²ilkhom.salakhutdinov@genomics.uz,
³venera_k75@mail.ru, ⁴latypova.e.a@pgau.ru, ⁵zburiev@genomics.uz

Аннотация. *Актуальность и цели.* Грибы рода *Fusarium* являются представителями биологически неоднородной группы, в состав которой входят сапрофиты и факультативные паразиты. Традиционные морфологические методы идентификации представителей данного рода часто недостаточно надежны из-за вариабельности признаков и сложности комплекса видов *Fusarium solani*. *Материалы и методы.* Рассмотрены современные молекулярно-генетические методы, основанные на анализе последовательностей таких маркеров, как ITS, TEF-1 α , RPB2, β -тубулин, NIR, РНО и гена SIX, которые существенно повысили точность диагностики, позволив различать близкородственные виды, расы и специализированные формы. В последнее время особое внимание уделяется преимуществам мультилокусного подхода, который признан «золотым стандартом» для идентификации и таксономического анализа представителей *Fusarium solani*. Также рассмотрены возможности и ограничения применения секвенирования нового поколения (NGS), включая WGS, tNGS и mNGS, для комплексного геномного анализа и диагностики патогенов. *Результаты и выводы.* Отмечается, что интеграция фенотипических и молекулярных данных, а также развитие геномных технологий открывают отличные перспективы для стандартизации и повышения точности идентификации *Fusarium solani* на видовом и внутривидовом уровнях.

Ключевые слова: *Fusarium solani*, идентификация, секвенирование, ITS, TEF-1 α , RPB2, β -тубулин, NIR, РНО, SIX

Для цитирования: Раджапов Ф. С., Салахутдинов И. Б., Камбурова В. С., Латыпова Э. А., Буриев З. Т. Современные исследования молекулярной идентификации *Fusarium solani* // Известия высших учебных заведений. Поволжский регион. Естественные науки. 2025. № 2. С. 3–16. doi: 10.21685/2307-9150-2025-2-1

Modern research on molecular identification of *Fusarium solani*

F.S. Rajapov¹, I.B. Salakhutdinov², V.S. Kamburova³, E.A. Latypova⁴, Z.T. Buriev⁵

^{1,2,3,5}Center of genomics and bioinformatics Academy of Sciences
of the Republic of Uzbekistan, Tashkent region, Uzbekistan

⁴Penza State Agrarian University, Penza, Russia

¹farhod.radjapov@yandex.ru, ²ilkhom.salakhutdinov@genomics.uz,
³venera_k75@mail.ru, ⁴latypova.e.a@pgau.ru, ⁵zburiev@genomics.uz

Abstract. *Background.* Fungi of the genus *Fusarium* are representatives of a biologically heterogeneous group, which includes saprophytes and facultative parasites. Traditional morphological methods for identifying representatives of this genus are often not reliable enough due to the variability of features and the complexity of the *Fusarium solani* species complex. *Materials and methods.* The review analyzes modern molecular genetic methods based on the analysis of sequences of markers such as ITS, TEF-1 α , RPB2, β -tubulin, NIR, PHO and the SIX gene, which have significantly increased the accuracy of diagnosis, making it possible to distinguish closely related species, races and specialized forms. Recently, special attention has been paid to the advantages of the multilocus approach, which is recognized as the “gold standard” for the identification and taxonomic analysis of *Fusarium solani* representatives. This research also examines the potential and limitations of next-generation sequencing (NGS), including WGS, tNGS, and mNGS, for comprehensive genomic analysis and diagnostics of pathogens. *Results and conclusions.* It is noted that the integration of phenotypic and molecular data, as well as the development of genomic technologies, open up new prospects for standardization and increased accuracy of *Fusarium solani* identification at the species and intraspecific levels.

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

For citation: Rajapov F.S., Salakhutdinov I.B., Kamburova V.S., Latypova E.A., Buriev Z.T. Modern research on molecular identification of *Fusarium solani*. *Izvestiya vysshikh uchebnykh zavedeniy. Povolzhskiy region. Estestvennye nauki* = *University proceedings. Volga region. Natural sciences*. 2025;(2):3–16. (In Russ.). doi: 10.21685/2307-9150-2025-2-1

Введение

Традиционная идентификация грибов рода *Fusarium* основывалась на морфологических признаках (форма и размер конидий, колониальные характеристики), однако эти признаки могут быть нестабильными и приводить к ошибочной идентификации [1–4]. Молекулярно-генетические методы, основанные на анализе последовательностей ДНК, значительно повысили точность и надежность идентификации [5–7].

Точная идентификация *F. solani* на молекулярном уровне имеет решающее значение для эффективной диагностики заболеваний, проведения эпидемиологических исследований и разработки устойчивых сортов сельскохозяйственных культур [8]. Более того, внутривидовая дифференциация, позволяющая различать расы и формы, специализированные к определенным хозяевам, необходима для понимания тонкостей взаимодействия патогена и растения и разработки целевых стратегий управления заболеваниями. Таким образом, современные исследования сосредоточены на разработке и совершенствовании молекулярных методов, способных обеспечить надежную идентификацию *F. solani* на различных таксономических уровнях.

Гены, используемые в настоящее время для молекулярной идентификации *Fusarium solani*

Внутренний транскрибируемый спейсер (ITS) рибосомальной ДНК (*rDNA*) – ITS-регион рибосомальной ДНК является одним из наиболее широко используемых и признанных молекулярных маркеров в микологии, включая идентификацию грибов рода *Fusarium*. ITS-регион эффективно используется для идентификации *Fusarium* на уровне рода, а зачастую и вида, включая *F. solani*. Например, в исследовании клинических и экологических изолятов *Fusarium* секвенирование ITS оказалось достаточным для идентификации *F. oxysporum* и *F. solani* [9]. Изменчивость последовательностей ITS часто позволяет различать близкородственные виды, что делает его ценным инструментом для первоначальной идентификации. Несмотря на широкое применение, ITS имеет свои ограничения, особенно в отношении комплекса видов *Fusarium solani* (*F. solani* species complex, FSSC). Внутри этого комплекса ITS может не обладать достаточной разрешающей способностью для дифференциации близкородственных видов из-за недостаточных "barcode gaps" [10]. Кроме того, внутригеномная вариация ITS, когда в геноме одного организма присутствуют незначительно различающиеся копии ITS-региона, может приводить к неоднозначным результатам секвенирования и затруднять идентификацию [11]. Таким образом, для окончательной идентификации видов внутри FSSC, особенно при работе с криптическими видами или тесно связанными таксонами, использование только ITS может быть недостаточным, что требует применения дополнительных, более специфичных маркеров.

Ген трансляционного фактора элонгации 1-альфа (*TEF-1α*), кодирующий трансляционный фактор элонгации 1α, стал важнейшим молекулярным маркером в филогенетике и идентификации грибов [12], часто обеспечивая более высокое разрешение, чем ITS, особенно внутри рода *Fusarium* и комплекса FSSC [13]. Например, ген *TEF-1α* использовался для идентификации изолятов *Fusarium* из винограда в Турции [14] и для характеристики видов *Fusarium*, связанных с корневой гнилью фасоли в Уганде [15]. Узбекским ученым удалось идентифицировать три расы изолятов *Fusarium oxysporum* f.sp. *vasinfectum* на основе филогенетического анализа с использованием последовательности гена *TEF1-α* [16]. *TEF-1α* часто демонстрирует более медленную скорость эволюции по сравнению с ITS, что позволяет получать более стабильные филогенетические данные и лучшее разрешение для близкородственных видов. Его последовательности обычно достаточно различаются между близкородственными таксонами, чтобы дифференцировать виды [17, 18]. Также существуют специализированные базы данных [19, 20], такие как *FUSARIUM-ID* v. 3.0 [21, 22], которые в основном используют последовательности *TEF-1α* для точной идентификации и таксономической классификации внутри рода *Fusarium*, включая FSSC [23].

Ген второй субъединицы РНК-полимеразы II (*RPB2*) является еще одним ценным белок-кодирующим маркером, используемым в сочетании с ITS и *TEF-1α* для надежного филогенетического анализа и идентификации видов внутри *Fusarium*, включая FSSC [9, 23, 24]. Например, *RPB2* использовался вместе с *TEF-1α* для точной идентификации видов внутри FSSC в изолятах, выделенных из клубней картофеля [25]. *RPB2* предоставляет независимый филогенетический сигнал, который может дополнять информацию, полученную

из ITS и TEF-1 α , что приводит к более надежным таксономическим заключениям [26]. Последовательности RPB2 используются для филогенетического анализа с использованием различных генетических маркеров, поскольку содержат достаточное количество информативных сайтов для различения близкородственных видов [23, 26]. В филогенетических работах RPB2 часто применяется для идентификации новых или ранее не выявленных видов, а также для уточнения их эволюционных связей. Ген RPB2 рекомендуется использовать как один из генетических маркеров при филогенетическом анализе для молекулярной диагностики и таксономического исследования грибов, особенно в случаях, когда маркеры ITS и TEF1 α не обеспечивают достаточно точную межвидовую и межрасовую идентификацию [23, 26]. Использование данного гена позволит эффективно решать задачи идентификации и классификации, особенно внутри сложных таксономических комплексов, таких как *Fusarium*.

Ген β -тубулина (β -*tub*) является одним из важных молекулярных маркеров, используемых для идентификации и филогенетического анализа грибов рода *Fusarium* [27, 28]. Он кодирует структурный белок, входящий в состав микротрубочек, и обладает достаточным уровнем полиморфизма, что позволяет различать многие виды внутри рода. Ранние исследования также выявили мутации в гене β -тубулина, связанные с устойчивостью к фунгицидам (например, беномилу), что дополнительно подчеркивает важность этого гена для изучения биологии и патогенности грибов [29]. Однако β -тубулин не всегда способен различать все близкородственные виды – например, *F. armeniacum* и *F. acuminatum* или *F. sporotrichioides* и *F. langsethiae* остаются неразличимыми при использовании только этого маркера [30]. В работе Носратабади и соавторов (2018) была продемонстрирована эффективность PCR-RFLP анализа гена β -тубулина для дифференциации 107 штаммов *Fusarium* из различных источников, что подтверждает его практическую значимость в диагностике.

Ген нитрит редуктазы (*NIR*) кодирует фермент, участвующий в метаболизме азота, в частности, в восстановлении нитратов. Этот ген является относительно консервативным, но при этом обладает достаточной вариабельностью, позволяющий проводить идентификацию между различными видами и даже штаммами *Fusarium*, что делает его полезным для филогенетического анализа и видовой идентификации. Однако использование гена *NIR* для молекулярной идентификации и филогенетики *Fusarium* в научной литературе встречается крайне редко и не является общепринятым. Ген нитрит редуктазы (*NIR*) у *Fusarium* является важным для физиологии гриба, но в настоящее время не применяется как основной молекулярный маркер для идентификации или филогенетики этого рода.

Ген фосфат пермеазы (или фосфатный транспортер) (*PHO*) является однокопийным геном, используемым для молекулярной идентификации и таксономического анализа патогенов рода *Fusarium*, в частности *Fusarium oxysporum* f. sp. *vasinfectum*. Его использование основано на тех же свойствах, что и у гена нитрит редуктазы (*NIR*): он должен обладать достаточной вариабельностью для различения видов, но быть достаточно консервативным для успешной амплификации. Последовательности гена *PHO* демонстрируют высокий уровень полиморфизма (SNP) между разными видами *Fusarium*. Это позволяет использовать его для создания специфичных для видов праймеров

и дифференциации даже близкородственных видов, которые трудно различить по морфологическим признакам [31]. На основе нуклеотидных последовательностей гена *PHO* разработаны специфические праймеры, которые позволяют идентифицировать различные расы *Fusarium oxysporum f.sp. vasinfectum*, в том числе расы 3 и 8, с помощью аллель-специфической ПЦР (ASPCR) [32]. Ген фосфат пермеазы (*PHO*) является перспективным и эффективным молекулярным маркером для идентификации и таксономического анализа *Fusarium solani*. Его применение в комбинации с другими однокопийными (уникальными) генами (*β-tub*, *TEF-1a* и др.) позволяет повысить точность определения видов и рас, что важно для фитопатологического мониторинга и разработки стратегий борьбы с патогенами.

Гены *SIX* (Secreted in xylem) определяют вариации в специфичности к хозяевам между специализированными формами и расами, что делает их маркерами для диагностики и изучения эволюции патогена [33]. В комплексе видов *Fusarium solani* гены *SIX* менее изучены, однако геномные исследования показывают наличие аналогичных хромосом патогенов с генами, связанными с вирулентностью и адаптацией к хозяевам. Гены *SIX* являются ключевыми эффекторными генами, определяющие патогенность и адаптацию *Fusarium* (особенно *F. oxysporum*) и важными объектами для исследований и практического применения в фитопатологии. Ученые Центра геномики и биоинформатики Академии наук Республики Узбекистан совместно с зарубежными специалистами провели исследования по идентификации патогенов рода *Fusarium* с различными генами, включая гены *SIX* [34].

Мультилокусный подход с использованием комбинаций вышеперечисленных генов считается «золотым стандартом» для точной идентификации и описания новых видов внутри комплекса *Fusarium*. Однонуклеотидные замены в этих генах делают их особенно полезными для различения близкородственных видов. Комбинация этих маркеров в рамках мультилокусного анализа, который позволяет выбрать таксон- и/или штамм-специфичные баркоды второго порядка, значительно повышает точность и надежность молекулярной идентификации рода *Fusarium* и, в частности, внутривидовых представителей *Fusarium solani*, что имеет большое значение для сельского хозяйства, фитопатологии и микологии.

Молекулярная идентификация рас. В классификации внутри комплекса видов *Fusarium solani* представители комплекса сначала объединяются в специализированные формы (*formae speciales*) на основе их специфичности к хозяину, а затем подразделяются на расы на основе их способности заражать определенные сорта или преодолевать конкретные гены устойчивости внутри вида-хозяина [35]. *Fusarium solani* классифицируется на 12 специализированных форм и две расы, различающиеся по специфичности к хозяину и филогенетическим различиям [36–38]. Различные *formae speciales F. solani* демонстрируют разные диапазоны хозяев, в то время как расы внутри специализированных форм могут отличаться по своей вирулентности на различных сортах одного и того же хозяина. Применение мультилокусного секвенирования (MLST) с использованием нескольких генных областей, таких как *EF-1α*, *RPB2* и *ITS* [39–43], для анализа генетического разнообразия и идентификации гаплотипов, коррелирующих с определенными расами или профилями патогенности внутри FSSC [8], обеспечит повышенную точность и разрешение для идентификации видов и рас.

С появлением технологий секвенирования нового поколения (NGS) открылись новые возможности и перспективы в области молекулярной идентификации. Данная технология является превосходным инструментом для лабораторной практики, включая диагностику патогенов [44–47]. В настоящее время в передовых лабораториях применяются три основных подхода к использованию NGS [48]: *полногеномное секвенирование* (WGS) – секвенирование всего генома организма [49], *таргетное секвенирование* (tNGS) – секвенирование только определенных, выбранных участков генома [50], *метагеномное секвенирование* (mNGS) – секвенирование всей ДНК/РНК, выделенной из образца субстрата, для идентификации всех организмов (включая грибы) [51].

Полногеномное секвенирование *Fusarium solani* позволило выявить ключевые особенности его генома, связанные с адаптацией, патогенностью и эволюцией. Секвенирование нового поколения (NGS) позволяет проводить геномный анализ, выявлять новые маркеры и проводить культурнезависимое обнаружение [52]. Передовые технологии секвенирования открывают широкие возможности для понимания генетического разнообразия и эволюционной истории живых организмов и, в частности, FSSC. Единственным ограничивающим фактором может послужить высокая стоимость оборудования и реагентов. А также могут возникнуть трудности с доступностью достаточного объема референсных данных для редких или малоизученных образцов патогенов.

Заключение

Несмотря на значительный прогресс, идентификация *F. solani* остается сложной задачей из-за таксономической сложности комплекса, необходимости стандартизированных протоколов и курируемых баз данных. Интеграция фенотипических и молекулярных данных, а также применение новых геномных технологий, таких как NGS и метагеномики, открывают перспективы для дальнейшего совершенствования методов идентификации *Fusarium solani* на уровне видов, рас и штаммов. При этом необходимо отметить, что молекулярно-генетические методы дополняют классические микробиологические исследования, существенно расширяя арсенал аналитических возможностей ученых.

Список литературы

1. Badiwe M., Fialho R. O., Stevens C. [et al.]. *Fusarium* Species Associated with Diseases of Citrus: A Comprehensive Review // *Journal of Fungi* (Basel). 2025. Vol. 11, № 4. doi: 10.3390/jof11040263
2. O'Donnell K., Sutton D. A., Fothergill A. [et al.]. Molecular phylogenetic diversity, multilocus haplotype nomenclature, and in vitro antifungal resistance within the *Fusarium solani* species complex // *Journal of Clinical Microbiology*. 2008. Vol. 46, № 8. P. 2477–2490. doi: 10.1128/JCM.02371-07
3. Lombard L., Van der Merwe N. A., Groenewald J. Z., Crous P. W. Generic concepts in Nectriaceae // *Studies in Mycology*. 2015. Vol. 80. P. 189–245. doi: 10.1016/j.simyco.2014.12.002
4. Mirhasani F., Daie-Ghazvini R., Hashemi S. J. [et al.]. Isolation and identification of *Fusarium* species from the water systems of ICUs and transplant wards of hospitals and determination of the *in vitro* susceptibilities of isolates to conventional antifungals // *Frontiers in Fungal Biology*. 2025. Vol. 6. doi: 10.3389/ffunb.2025.1564237

5. Шеримбетов А. Г. Молекулярно-генетическая идентификация грибов рода *Fusarium* link., поражающих мягкую пшеницу (*Triticum aestivum* L.) // Современная биология и генетика. 2023. № 3. С. 24–31.
6. Summerell B. A. Resolving *Fusarium*: Current status of the genus // Annual Review of Phytopathology. 2019. Vol. 57, № 1. P. 323–339. doi: 10.1146/annurev-phyto-082718-100204
7. Abdurakhmonov I. Y. *Fusarium*-Recent Studies. In BoD–books on demand. London : IntechOpen, 2024. 152 p.
8. Qiu R., Li C., Zhang Y. [et al.]. Characterization of *Fusarium solani* Associated with Tobacco (*Nicotiana tabacum*) Root Rot in Henan, China // Plant Disease. 2024. Vol. 108, № 8. P. 2447–2453. doi: 10.1094/PDIS-10-23-2172-RE
9. Montoya A. M., Grimaldo J., González G. M. Phenotypic and molecular identification of *Fusarium* spp. clinical and environmental isolates // Gaceta Medica de Mexico. 2024. Vol. 160, № 5. P. 527–534. doi: 10.24875/GMM.M24000943
10. Raja H. A., Miller A. N., Pearce C. J., Oberlies N. H. Fungal Identification Using Molecular Tools: A Primer for the Natural Products Research Community // Journal of Natural Products. 2017. Vol. 80, № 3. P. 756–770. doi: 10.1021/acs.jnatprod.6b01085
11. Mirhendi H., Ghiasian A., Vismer H. [et al.]. Preliminary Identification and Typing of Pathogenic and Toxigenic *Fusarium* Species Using Restriction Digestion of ITS1-5.8S rDNA-ITS2 Region // Iranian Journal of Public Health. 2010. Vol. 39, № 4. P. 35–44. PMID: 23113036; PMCID: PMC3481688
12. Yassin Z., Salehi Z., Soleimani M. [et al.]. Phylogenetic relationship of *Fusarium* species isolated from keratitis using TEF1 and RPB2 gene sequences // Iranian Journal of Microbiology. 2022. Vol. 14, № 3. P. 417–422. doi: 10.18502/ijm.v14i3.9753
13. 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
14. Ateş G. Ö. Molecular Identification of *Fusarium* Isolates from Bozcaada Çavuşand Karalahna Grapesin Türkiye // Journal of Fungi. 2025. Vol. 11, № 5. doi: 10.3390/jof11050373
15. Erima S., Nyine M., Edema R. [et al.]. Molecular Characterisation of *Fusarium* Species Causing Common Bean Root Rot in Uganda // Journal of Fungi (Basel). 2025. Vol. 11, № 4. doi: 10.3390/jof11040283
16. Egamberdiev S. S., Ulloa M., Saha S. [et al.]. Molecular Characterization of Uzbekistan Isolates of *Fusarium oxysporum* f. sp. Vasinfectum // Journal of Plant Science and Molecular Breeding. 2013. Vol. 2, № 1. doi: 10.7243/2050-2389-2-3
17. Wallace E. C., May S. R., Miles L. A., Geiser D. M. Tips for Identifying *Fusarium*. Part 2: Sequence-based Identification // National Plant Diagnostic Network. 2022. URL: <https://www.npdn.org/newsletter/2022/04/article/1>
18. O'Donnell K., Whitaker B. K., Laraba I. [et al.]. DNA Sequence - Based Identification of *Fusarium*: A Work in Progress // Plant Disease. 2022. Vol. 106, № 6. P. 1597–1609. doi: 10.1094/PDIS-09-21-2035-SR
19. Geiser D. M., Jimenez-Gasco M. M., Kang S. [et al.]. A DNA sequence database for identifying *Fusarium* // European Journal of Plant Pathology. 2004. Vol. 110, № 5. P. 473–479. doi: 10.1023/B:EJPP.0000032386.75915.a0
20. Ramdass A. C., Villafana R. T., Rampersad S. N. TRI Genotyping and Chemotyping: A Balance of Power // Toxins (Basel). 2020. Vol. 12, № 2. doi: 10.3390/toxins12020064
21. Torres-Cruz T. J., Whitaker B. K., Proctor R. H. [et al.]. FUSARIUM-ID v.3.0: An Updated, Downloadable Resource for *Fusarium* Species Identification // Plant Disease. 2021. Vol. 106, № 6. P. 1610–1616. doi: 10.1094/PDIS-09-21-2105-SR
22. *Fusarium*-ID. URL: <http://isolate.fusariumdb.org/blast.php>

23. O'Donnell K., Rooney A. P., Proctor R. H. [et al.]. 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*. 2013. Vol. 52. P. 20–31. doi: 10.1016/j.fgb.2012.12.004
24. Schoch C. L., Sung G. H., López-Giráldez F. [et al.]. The Ascomycota tree of life: a phylum-wide phylogeny clarifies the origin and evolution of fundamental reproductive and ecological traits // *Systematic Biology*. 2009. Vol. 58, № 2. P. 224–239. doi: 10.1093/sysbio/syp020
25. Gavrilova O., Orina A., Trubin I., Gagkaeva T. Identification and Pathogenicity of *Fusarium* Fungi Associated with Dry Rot of Potato Tubers // *Microorganisms*. 2024. Vol. 12, № 3. doi: 10.3390/microorganisms12030598
26. Минаева Л. П., Самохвалова Л. В., Завриев С. К., Стахеев А. А. Первое выявление гриба *Fusarium coffeatum* на территории Российской Федерации // *Сельскохозяйственная биология*. 2022. Т. 5, № 1. С. 131–140. doi: 10.15389/agrobiology.2022.1.131rus
27. Egamberdiev Sh., Salahutdinov I., Abdullaev A. [et al.]. Detection of *Fusarium oxysporum* f. sp. *vasinfectum* race 3 by single-base extension method and allele-specific polymerase chain reaction // *Canadian Journal of Plant Pathology*. 2014. Vol. 36, № 2. P. 216–223. doi: 10.1080/07060661.2014.905496
28. Эгамбердиев Ш. Ш., Салахутдинов И., Абдуллаев А. [и др.]. Использование гена β -тубулина для видовой и расовой для идентификации рода *Fusarium* // *Достижения и перспективы экспериментальной биологии растений : сб. науч. тр. Междунар. науч.-практ. конф. Ташкент, 2013*. С. 56–63.
29. Yan K., Dickman M. B. Isolation of a beta-tubulin gene from *Fusarium moniliforme* that confers cold-sensitive benomyl resistance // *Applied and Environmental Microbiology*. 1996. Vol. 62, № 8. P. 3053–3056. doi: 10.1128/aem.62.8.3053-3056.1996
30. Nosratabadi M., Kachuei R., Rezaie S., Harchegani A. B. Beta-tubulin gene in the differentiation of *Fusarium* species by PCR-RFLP analysis // *Infez Med*. 2018. Vol. 26, № 1. P. 52–60. PMID: 29525798.
31. Stakheev A. A., Khaïrulina D. R., Riazantsev D. Yu., Zavriev S. K. Phosphate permease gene as a marker for the specific identification of toxigenic fungus *Fusarium cerealis* // *Russian Journal of Bioorganic Chemistry*. 2013. Vol. 39, № 2. P. 153–160. doi: 10.1134/s1068162013020131
32. Раджапов Ф., Эгамбердиев Ш. Ш., Салахутдинов И. Б. [и др.]. Идентификация *Fusarium oxysporum* f. sp. *vasinfecum* (раса 8) с использованием многокопийного гена фосфатпермеазы // *Узбекский биологический журнал*. 2014. № 4. С. 43–45.
33. Jangir P., Mehra N., Sharma K. [et al.]. Secreted in Xylem Genes: Drivers of Host Adaptation in *Fusarium oxysporum* // *Frontiers in Plant Science*. 2021. Vol. 12. P. 628611. doi: 10.3389/fpls.2021.628611
34. Jobe T. O., Abdurakhmonov I. Y., Ulloa M. [et. al.]. Molecular Characterization of *Fusarium* Isolates from Upland Cotton Roots in Uzbekistan and Whole-Genome Comparison with Isolates from the United States // *Phytopathology*. 2025. Vol. 115, № 1. P. 54–65. doi: 10.1094/PHYTO-04-24-0152-R
35. Wu L., Hwang S. F., Strelkov S. E. [et al.]. Pathogenicity, Host Resistance, and Genetic Diversity of *Fusarium* Species under Controlled Conditions from Soybean in Canada // *Journal of Fungi (Basel)*. 2024. Vol. 10, № 5. doi: 10.3390/jof10050303
36. Coleman J. J. The *Fusarium solani* species complex: ubiquitous pathogens of agricultural importance // *Molecular Plant Pathology*. 2016. Vol. 17, № 2. P. 146–158. doi: 10.1111/mpp.12289
37. 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 solani* Species Complex: *F. virguliforme* in North America and *F. tucumaniae* in South America // *Mycologia*. 2003. Vol. 95, № 4. P. 660–684. doi: 10.1080/15572536.2004.11833070

38. Šišić A., Baćanović-Šišić J., Al-Hatmi A. M. S. [et al.]. The 'forma specialis' issue in *Fusarium*: A case study in *Fusarium solani* f. sp. *pisi* // Scientific Reports. 2018. Vol. 8, № 1252. doi: 10.1038/s41598-018-19779-z
39. Rezaee S., Gharanjik S., Mojerlou S. Identification of *Fusarium solani* f. sp. *cucurbitae* races using morphological and molecular approaches // Journal of Crop Protection. 2018. Vol. 7, № 2. P. 161–170. URL: <https://jcp.modares.ac.ir/article-3-16491-en.html>
40. Раджапов Ф., Эгамбердиев Ш., Салахутдинов И. [и др.]. Использование однокопийных генов для идентификации фитопатогенов рода *Fusarium* в Узбекистане // Важные направления организации научных исследований в области селекции и семеноводства : материалы Респ. науч.-практ. конф. Ташкент, 2013. С. 293–295.
41. Муллахунов Б. Т., Раджапов Ф. С., Эгамбердиев Ш. Ш. Идентификация видов *Fusarium* spp. на основе TEF-1α гена // Проблемы и перспективы повышения эффективности биологических методов защиты растений от вредных организмов : материалы Респ. науч.-практ. конф. Ташкент, 2015. С. 154.
42. Раджапов Ф. С., Муллахунов Б. Т., Эгамбердиев Ш. Ш. Методы комбинированного анализа для определения почвенных фитопатогенов // Проблемы и перспективы повышения эффективности биологических методов защиты растений от вредных организмов : материалы Респ. науч.-практ. конф. Ташкент, 2015. С. 116.
43. Raja H. A., Miller A. N., Pearce C. J., Oberlies N. H. Fungal Identification Using Molecular Tools: A Primer for the Natural Products Research Community // Journal of natural products. 2017. Vol. 80, № 3. P. 756–770. doi: 10.1021/acs.jnatprod.6b01085
44. Xu Q., Chen Q., Qiu W. [et al.]. Application of targeted next-generation sequencing for pathogens diagnosis and drug resistance prediction in bronchoalveolar lavage fluid of pulmonary infections // Frontiers in Cellular and Infection Microbiology. 2025. Vol. 15. doi: 10.3389/fcimb.2025.1590881
45. Gu W., Miller S., Chiu C. Y. Clinical Metagenomic Next-Generation Sequencing for Pathogen Detection // Annual Review of Pathology. 2019. Vol. 14. P. 319–338. doi: 10.1146/annurev-pathmechdis-012418-012751
46. Chiu C., Miller S. Next-generation sequencing // Molecular Microbiology: Diagnostic Principles and Practice / ed. by D. H. Persing, F. C. Tenover, R. T. Hayden [et al.]. 3-d ed. Washington, 2016. P. 68–79. doi: 10.1128/9781555819071.ch6
47. Goodwin S., McPherson J.D., McCombie W.R. Coming of age: ten years of next-generation sequencing technologies // Nature Reviews Genetics. 2016. Vol. 17, № 6. P. 333–351. doi: 10.1038/nrg.2016.49
48. Mitchell S. L., Simner P. J. Next-generation sequencing in clinical microbiology: are we there yet? // Clinics in laboratory medicine. 2019. Vol. 39, № 3. P. 405–418. doi: 10.1016/j.cll.2019.05.003
49. Yang J., Mao A., Zhang J. [et al.]. Whole-Genome Sequencing of *Fusarium oxysporum* f. sp. *cucumerinum* Strain Race-4 Infecting Cucumber in China // Plant Disease. 2023. Vol. 107, № 4. P. 1210–1213. doi: 10.1094/PDIS-08-22-1815-A
50. Kambli P., Ajbani K., Andrews A. A. [et al.]. Targeted Next Generation Sequencing (tNGS) for detection of drug-resistant tuberculous meningitis: Is this sequencing technology ready for prime time? // Indian Journal of Medical Microbiology. 2024. Vol. 51. doi: 10.1016/j.ijmmb.2024.100665
51. Gökdemir F. Ş., İşeri Ö. D., Sharma A. [et al.]. Metagenomics Next Generation Sequencing (mNGS): An Exciting Tool for Early and Accurate Diagnostic of Fungal Pathogens in Plants // Journal of Fungi (Basel). 2022. Vol. 8, № 11. doi: 10.3390/jof8111195
52. Sáenz V., Lizcano Salas A. F., Gené J., Celis Ramírez A. M. *Fusarium* and *Neocosmospora*: fungal priority pathogens in laboratory diagnosis // Critical Reviews in Microbiology. 2024. Vol. 1. P. 1–14. doi: 10.1080/1040841X.2024.2369693

References

1. Badiwe M., Fialho R.O., Stevens C. et al. Fusarium Species Associated with Diseases of Citrus: A Comprehensive Review. *Journal of Fungi (Basel)*. 2025;11(4). doi: 10.3390/jof11040263
2. O'Donnell K., Sutton D.A., Fothergill A. et al. Molecular phylogenetic diversity, multilocus haplotype nomenclature, and in vitro antifungal resistance within the Fusarium solani species complex. *Journal of Clinical Microbiology*. 2008;46(8):2477–2490. doi: 10.1128/JCM.02371-07
3. Lombard L., Van der Merwe N.A., Groenewald J.Z., Crous P.W. Generic concepts in Nectriaceae. *Studies in Mycology*. 2015;80:189–245. doi: 10.1016/j.simyco.2014.12.002
4. Mirhasani F., Daie-Ghazvini R., Hashemi S.J. et al. Isolation and identification of Fusarium species from the water systems of ICUs and transplant wards of hospitals and determination of the in vitro susceptibilities of isolates to conventional antifungals. *Frontiers in Fungal Biology*. 2025;6. doi: 10.3389/ffunb.2025.1564237
5. Sherimbetov A.G. Molecular genetic identification of Fusarium linc. fungi infecting common wheat (*Triticum aestivum* L.). *Sovremennaya biologiya i genetika* = Modern biology and genetics. 2023;(3):24–31. (In Russ.)
6. Summerell B.A. Resolving Fusarium: Current status of the genus. *Annual Review of Phytopathology*. 2019;57(1):323–339. doi: 10.1146/annurev-phyto-082718-100204
7. Abdurakhmonov I.Y. *Fusarium-Recent Studies*. In BoD—books on demand. London: IntechOpen, 2024:152.
8. Qiu R., Li C., Zhang Y. et al. Characterization of Fusarium solani Associated with Tobacco (*Nicotiana tabacum*) Root Rot in Henan, China. *Plant Disease*. 2024;108(8):2447–2453. doi: 10.1094/PDIS-10-23-2172-RE
9. Montoya A.M., Grimaldo J., González G.M. Phenotypic and molecular identification of Fusarium spp. clinical and environmental isolates. *Gaceta Medica de Mexico*. 2024;160(5):527–534. doi: 10.24875/GMM.M24000943
10. Raja H.A., Miller A.N., Pearce C.J., Oberlies N.H. Fungal Identification Using Molecular Tools: A Primer for the Natural Products Research Community. *Journal of Natural Products*. 2017;80(3):756–770. doi: 10.1021/acs.jnatprod.6b01085
11. Mirhendi H., Ghiasian A., Vismer H. et al. Preliminary Identification and Typing of Pathogenic and Toxigenic Fusarium Species Using Restriction Digestion of ITS1-5.8S rDNA-ITS2 Region. *Iranian Journal of Public Health*. 2010;39(4):35–44. PMID: 23113036; PMCID: PMC3481688
12. Yassin Z., Salehi Z., Soleimani M. et al. Phylogenetic relationship of Fusarium species isolated from keratitis using TEF1 and RPB2 gene sequences. *Iranian Journal of Microbiology*. 2022;14(3):417–422. doi: 10.18502/ijm.v14i3.9753
13. Stakheev A.A., Samokhvalova L.V., Mikityuk O.D., Zavriev S.K. Phylogenetic analysis and molecular typing of trichothetene-producing fungi of the genus Fusarium from Russian collections. *Acta Naturae*. 2018;10(2):79–92. (In Russ.). doi: 10.32607/20758251-2018-10-2-79-92
14. Ateş G.Ö. Molecular Identification of Fusarium Isolates from Bozcaada Çavuşand Karalahna Grapesin Türkiye. *Journal of Fungi*. 2025;11(5). doi: 10.3390/jof11050373
15. Erima S., Nyine M., Edema R. et al. Molecular Characterisation of Fusarium Species Causing Common Bean Root Rot in Uganda. *Journal of Fungi (Basel)*. 2025;11(4). doi: 10.3390/jof11040283
16. Egamberdiev S.S., Ulloa M., Saha S. et al. Molecular Characterization of Uzbekistan Isolates of Fusarium oxysporum f. sp. Vasinfectum. *Journal of Plant Science and Molecular Breeding*. 2013;2(1). doi: 10.7243/2050-2389-2-3
17. Wallace E.C., May S.R., Miles L.A., Geiser D.M. Tips for Identifying Fusarium. Part 2: Sequence-based Identification. *National Plant Diagnostic Network*. 2022. Available at: <https://www.npdn.org/newsletter/2022/04/article/1>

18. O'Donnell K., Whitaker B.K., Laraba I. et al. DNA Sequence - Based Identification of *Fusarium*: A Work in Progress. *Plant Disease*. 2022;106(6):1597–1609. doi: 10.1094/PDIS-09-21-2035-SR
19. Geiser D.M., Jimenez-Gasco M.M., Kang S. et al. A DNA sequence database for identifying *Fusarium*. *European Journal of Plant Pathology*. 2004;110(5):473–479. doi: 10.1023/B:EJPP.0000032386.75915.a0
20. Ramdass A.C., Villafana R.T., Rampersad S.N. TRI Genotyping and Chemotyping: A Balance of Power. *Toxins (Basel)*. 2020;12(2). doi: 10.3390/toxins12020064
21. Torres-Cruz T.J., Whitaker B.K., Proctor R.H. et al. FUSARIUM-ID v.3.0: An Updated, Downloadable Resource for *Fusarium* Species Identification. *Plant Disease*. 2021;106(6):1610–1616. doi: 10.1094/PDIS-09-21-2105-SR
22. *Fusarium-ID*. Available at: <http://isolate.fusariumdb.org/blast.php>
23. O'Donnell K., Rooney A.P., Proctor R.H. et al. 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*. 2013;52:20–31. doi: 10.1016/j.fgb.2012.12.004
24. Schoch C.L., Sung G.H., López-Giráldez F. et al. The Ascomycota tree of life: a phylum-wide phylogeny clarifies the origin and evolution of fundamental reproductive and ecological traits. *Systematic Biology*. 2009;58(2):224–239. doi: 10.1093/sysbio/syp020
25. 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). doi: 10.3390/microorganisms12030598
26. Minaeva L.P., Samokhvalova L.V., Zavriv S.K., Stakheev A.A. The first detection of the fungus *Fusarium coffeae* in the Russian Federation. *Sel'skokhozyaystvennaya biologiya = Agricultural biology*. 2022;5(1):131–140. (In Russ.). doi: 10.15389/agrobiol-ogy.2022.1.131rus
27. Egamberdiev Sh., Salahutdinov I., Abdullaev A. et al. Detection of *Fusarium oxysporum* f. sp. *vasinfectum* race 3 by single-base extension method and allele-specific polymerase chain reaction. *Canadian Journal of Plant Pathology*. 2014;36(2):216–223. doi: 10.1080/07060661.2014.905496
28. Egamberdiev Sh.Sh., Salakhutdinov I., Abdullaev A. et al. Use of the β -tubulin gene for species and race identification of the genus *Fusarium*. *Dostizheniya i perspektivy eksperimental'noy biologii rasteniy: sb. nauch. tr. Mezhdunar. nauch.-prakt. konf. = Achievements and prospects of experimental plant biology: proceedings of the International scientific and practical conference*. Tashkent, 2013:56–63. (In Russ.)
29. Yan K., Dickman M.B. Isolation of a beta-tubulin gene from *Fusarium moniliforme* that confers cold-sensitive benomyl resistance. *Applied and Environmental Microbiology*. 1996;62(8):3053–3056. doi: 10.1128/aem.62.8.3053-3056.1996
30. Nosratabadi M., Kachuei R., Rezaie S., Harchegani A.B. Beta-tubulin gene in the differentiation of *Fusarium* species by PCR-RFLP analysis. *Infez Med*. 2018;26(1):52–60. PMID: 29525798.
31. Stakheev A.A., Khaïrulina D.R., Riazantsev D.Yu., Zavriv S.K. Phosphate permease gene as a marker for the specific identification of toxigenic fungus *Fusarium cerealis*. *Russian Journal of Bioorganic Chemistry*. 2013;39(2):153–160. doi: 10.1134/s1068162013020131
32. Radzhapov F., Egamberdiev Sh.Sh., Salakhutdinov I.B. et al. Identification of *Fusarium oxysporum* f. sp. *vasinfecum* (race 8) using the high-copy phosphate permease gene. *Uzbekskiy biologicheskiy zhurnal = Uzbek Biological Journal*. 2014;(4):43–45. (In Russ.)
33. Jangir P., Mehra N., Sharma K. et al. Secreted in Xylem Genes: Drivers of Host Adaptation in *Fusarium oxysporum*. *Frontiers in Plant Science*. 2021;12:628611. doi: 10.3389/fpls.2021.628611
34. Jobe T.O., Abdurakhmonov I.Y., Ulloa M. et al. Molecular Characterization of *Fusarium* Isolates from Upland Cotton Roots in Uzbekistan and Whole-Genome Comparison with Isolates from the United States. *Phytopathology*. 2025;115(1):54–65. doi: 10.1094/PHYTO-04-24-0152-R

35. Wu L., Hwang S.F., Strelkov S.E. [et al.]. Pathogenicity, Host Resistance, and Genetic Diversity of *Fusarium* Species under Controlled Conditions from Soybean in Canada. *Journal of Fungi (Basel)*. 2024;10(5). doi: 10.3390/jof10050303
36. Coleman J.J. The *Fusarium solani* species complex: ubiquitous pathogens of agricultural importance. *Molecular Plant Pathology*. 2016;17(2):146–158. doi: 10.1111/mpp.12289
37. 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 solani* Species Complex: *F. virguliforme* in North America and *F. tucumaniae* in South America. *Mycologia*. 2003;95(4):660–684. doi: 10.1080/15572536.2004.11833070
38. Šišić A., Baćanović-Šišić J., Al-Hatmi A.M.S. et al. The 'forma specialis' issue in *Fusarium*: A case study in *Fusarium solani* f. sp. pisi. *Scientific Reports*. 2018;8(1252). doi: 10.1038/s41598-018-19779-z
39. Rezaee S., Gharanjik S., Mojerlou S. Identification of *Fusarium solani* f. sp. cucurbitae races using morphological and molecular approaches. *Journal of Crop Protection*. 2018;7(2):161–170. Available at: <https://jcp.modares.ac.ir/article-3-16491-en.html>
40. Radzhapov F., Egamberdiev Sh., Salakhutdinov I. et al. Using single-copy genes to identify *Fusarium* phytopathogens in Uzbekistan. *Vazhnye napravleniya organizatsii nauchnykh issledovaniy v oblasti seleksii i semenovodstva: materialy Resp. nauch.-prakt. konf.* = Important areas of scientific research in the field of selection and seed production: Proceedings of the Republic scientific and practical conference. Tashkent, 2013:293–295. (In Russ.)
41. Mullakhunov B.T., Radzhapov F.S., Egamberdiev Sh.Sh. Identification of *Fusarium* spp. species based on the TEF-1 α gene. *Problemy i perspektivy povysheniya effektivnosti biologicheskikh metodov zashchity rasteniy ot vrednykh organizmov: materialy Resp. nauch.-prakt. konf.* = Issues and prospects for increasing the effectiveness of biological methods of plant protection from pests: Proceedings of the Republic scientific and practical conference. Tashkent, 2015:154. (In Russ.)
42. Radzhapov F.C., Mullakhunov B.T., Egamberdiev Sh.Sh. Combined analysis methods for the detection of soil phytopathogens. *Problemy i perspektivy povysheniya effektivnosti biologicheskikh metodov zashchity rasteniy ot vrednykh organizmov: materialy Resp. nauch.-prakt. konf.* = Issues and prospects for increasing the effectiveness of biological methods of plant protection from pests: Proceedings of the Republic scientific and practical conference. Tashkent, 2015:116. (In Russ.)
43. Raja H.A., Miller A.N., Pearce C.J., Oberlies N.H. Fungal Identification Using Molecular Tools: A Primer for the Natural Products Research Community. *Journal of natural products*. 2017;80(3):756–770. doi: 10.1021/acs.jnatprod.6b01085
44. Xu Q., Chen Q., Qiu W. et al. Application of targeted next-generation sequencing for pathogens diagnosis and drug resistance prediction in bronchoalveolar lavage fluid of pulmonary infections. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*. 2025;15. doi: 10.3389/fcimb.2025.1590881
45. Gu W., Miller S., Chiu C.Y. Clinical Metagenomic Next-Generation Sequencing for Pathogen Detection. *Annual Review of Pathology*. 2019;14:319–338. doi: 10.1146/annurev-pathmechdis-012418-012751
46. Chiu C., Miller S. Next-generation sequencing. *Molecular Microbiology: Diagnostic Principles and Practice*. 3-d ed. Washington, 2016:68–79. doi: 10.1128/9781555819071.ch6
47. Goodwin S., McPherson J.D., McCombie W.R. Coming of age: ten years of next-generation sequencing technologies. *Nature Reviews Genetics*. 2016;17(6):333–351. doi: 10.1038/nrg.2016.49
48. Mitchell S.L., Simner P.J. Next-generation sequencing in clinical microbiology: are we there yet? *Clinics in laboratory medicine*. 2019;39(3):405–418. doi: 10.1016/j.cll.2019.05.003
49. Yang J., Mao A., Zhang J. et al. Whole-Genome Sequencing of *Fusarium oxysporum* f. sp. cucumerinum Strain Race-4 Infecting Cucumber in China. *Plant Disease*. 2023;107(4):1210–1213. doi: 10.1094/PDIS-08-22-1815-A

50. Kambli P., Ajbani K., Andrews A.A. et al. Targeted Next Generation Sequencing (tNGS) for detection of drug-resistant tuberculous meningitis: Is this sequencing technology ready for prime time? *Indian Journal of Medical Microbiology*. 2024;51. doi: 10.1016/j.ijmm.2024.100665
51. Gökdemir F.Ş., İşeri Ö.D., Sharma A. et al. Metagenomics Next Generation Sequencing (mNGS): An Exciting Tool for Early and Accurate Diagnostic of Fungal Pathogens in Plants. *Journal of Fungi (Basel)*. 2022;8(11). doi: 10.3390/jof8111195
52. Sáenz V., Lizcano Salas A.F., Gené J., Celis Ramírez A.M. Fusarium and Neocosmospora: fungal priority pathogens in laboratory diagnosis. *Critical Reviews in Microbiology*. 2024;1:1–14. doi: 10.1080/1040841X.2024.2369693

Информация об авторах / Information about the authors

Фарход Суннатуллаевич Раджапов

старший научный сотрудник лаборатории геномики устойчивости растений, Центр геномики и биоинформатики Академии наук Республики Узбекистан (Республика Узбекистан, Ташкентская обл., пос. Салар, ул. Университетская, 2)
E-mail: farhod.radjapov@yandex.ru

Farkhod S. Rajapov

Senior researcher of the laboratory of plant genomics resistance, Center of genomics and bioinformatics Academy of Sciences of the Republic of Uzbekistan (2 Universitetskaya street, village Salar, Tashkent region, Uzbekistan)

Ильхом Бахтиярович Салахутдинов

кандидат биологических наук, заведующий лабораторией геномики устойчивости растений, Центр геномики и биоинформатики Академии наук Республики Узбекистан (Республика Узбекистан, Ташкентская обл., пос. Салар, ул. Университетская, 2)
E-mail: ilkhom.salakhutdinov@genomics.uz

Ilkhom B. Salakhutdinov

Candidate of biological sciences, head of the laboratory of plant genomics resistance, Center of genomics and bioinformatics Academy of Sciences of the Republic of Uzbekistan (2 Universitetskaya street, village Salar, Tashkent region, Uzbekistan)

Венера Сейтумеровна Камбурова

доктор биологических наук, заместитель директора по науке Центра геномики и биоинформатики Академии наук Республики Узбекистан (Республика Узбекистан, Ташкентская обл., пос. Салар, ул. Университетская, 2)
E-mail: kamburova.v@genomics.uz

Venera S. Kamburova

Doctor of biological sciences, deputy director for science, Center of genomics and bioinformatics Academy of Sciences of the Republic of Uzbekistan (2 Universitetskaya street, village Salar, Tashkent region, Uzbekistan)

Эльвира Азатовна Латыпова

кандидат биологических наук, доцент кафедры биологии, биологических технологий и ветеринарно-санитарной экспертизы, Пензенский государственный аграрный университет (Россия, г. Пенза, ул. Ботаническая, 30)
E-mail: latypova.e.a@pgau.ru

Elvira A. Latypova

Candidate of biological sciences, associate professor of the sub-department of biology, biological technologies and veterinary and sanitary expertise, Penza State Agrarian University (30 Botanicheskaya street, Penza, Russia)

Забардаст Тожибаевич Буриев

доктор биологических наук, профессор,
директор Центра геномики
и биоинформатики Академии наук
Республики Узбекистан
(Республика Узбекистан,
Ташкентская обл., пос. Салар,
ул. Университетская, 2)
E-mail: zburiev@genomics.uz

Zabardast T. Buriev

Doctor of biological sciences, professor,
director of the Center of genomics
and bioinformatics Academy
of Sciences of the Republic
of Uzbekistan
(2 Universitetskaya street, village Salar,
Tashkent region, Uzbekistan)

**Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов /
The authors declare no conflicts of interests.**

Поступила в редакцию / Received 14.07.2025

Поступила после рецензирования и доработки / Revised 28.08.2025

Принята к публикации / Accepted 12.09.2025