HSR (LONDON),
HOUGHTON STREET REVIEW JOURNAL
ISSN: 2058-5519|Impact factor-15.9
http://houghtonstreetreview.com/index.php/hsr

NUROTA FITOGEOGRAFIK OKRUGIDA APIACEAE LINDL. OILASI TURLARINING NRDNA ITS KETMA-KETLIKLARI ASOSIDA FILOGENETIK DARAXTINI SHAKLLANTIRISH

Ch.I. Sindorova[1],
A.O‘. Sindorov[1],
O.M. Toshpo‘latov[1]
[1]Jizzax davlat pedagogika universiteti, Jizzax shahri, O‘zbekiston
doi:https://doi.org/10.5281/zenodo.23291067

Annotatsiya. Ushbu maqolada Nurota fitogeografik okrugida tarqalgan Apiaceae Lindl. (ziradoshlar) oilasi turlarining yadro ribosoma DNKsi (nrDNA ITS) ketma-ketliklari hamda global urug‘li o‘simliklar mega-daraxti asosidagi filogenetik joylashtirish (phylogenetic grafting) tamoyillari integratsiyasi orqali to‘liq filogenetik daraxtini shakllantirish natijalari keltirilgan. NCBI GenBank bazasidagi mavjud 88 ta Apiaceae taksonining ITS ketma-ketliklari MAFFT v7 dasturida tekislanib, Gblocks yordamida noaniq bloklar chiqarib tashlandi. Maximum Likelihood (ML) tahlili RAxML v8.2.12 dasturida GTR+G modeli va 1000 ta bootstrap takrori asosida o‘tkazildi; tashqi guruh sifatida Menyanthes trifoliata L. olindi. Dastlabki daraxtda sekvenslari mavjud bo‘lmagan 99 ta takson global mega-daraxt (plant_megatree.tre, plant_genus_list.csv) qoidalari bo‘yicha topologiyaga kiritildi (24 tasi to‘g‘ridan-to‘g‘ri/sinonimlar orqali, 13 tasi turkumning eng yaqin vakili asosida, 12 tasi monovakil singil guruh sifatida, 46 tasi toj guruh politomiyasi sifatida joylashtirildi). Nukleotidlar xilma-xilligi MEGA v12.0.0 va parsimoniyaga informativ saytlar taqsimoti DnaSP v6.12 dasturlarida hisoblandi. Yaratilgan 187 taksonli filogenetik daraxt Nurota okrugi ziradoshlarining evolyutsion differensiatsiyasini tahlil qilish hamda endemik genofondni muhofaza qilish uchun muhim ilmiy asos bo‘lib xizmat qiladi.

Kalit so‘zlar: Apiaceae, Nurota fitogeografik okrugi, nrDNA ITS, filogenetik daraxt, Maximum Likelihood, RAxML, mega-daraxt, politomiya, bootstrap.

Аннотация. В данной статье представлены результаты построения всеобъемлющего филогенетического древа видов семейства Apiaceae Lindl. Нуратинского фитогеографического округа на основе интеграции последовательностей ядерной рибосомальной ДНК (nrDNA ITS) и подходов филогенетического размещения (графтинга) на базе глобального мега-древа семенных растений. Последовательности ITS 88 таксонов Apiaceae флоры Нураты из базы данных NCBI GenBank были выровнены в MAFFT v7, неоднозначные участки удалены с помощью Gblocks. Анализ максимального правдоподобия (ML) проведен в RAxML v8.2.12 с использованием модели GTR+G и 1000 псевдоповторов бутстрепа; внешней группой служил вид Menyanthes trifoliata L. Недостающие 99 таксонов были интегрированы по топологии мега-

HSR (LONDON),
HOUGHTON STREET REVIEW JOURNAL
ISSN: 2058-5519|Impact factor-15.9
http://houghtonstreetreview.com/index.php/hsr

древа: 24 таксона размещены напрямую/через синонимы, 13 — по ближайшему родственнику рода, 12 — как сестринские группы к монотипным узлам RAxML, 46 — как неразрешенные политомии в кроне родов. Показатели полиморфизма рассчитаны в MEGA v12.0.0 и DnaSP v6.12. Построенное древо из 187 таксонов служит фундаментальной основой для эволюционных исследований и охраны эндемичных зонтичных Нураты.

Ключевые слова: Apiaceae, Нуратинский фитогеографический округ, nrDNA ITS, филогенетическое древо, Maximum Likelihood, RAxML, мега-древо, политомия, бутстреп.

Abstract. This article presents the reconstruction of a comprehensive phylogenetic tree for the species of the Apiaceae Lindl. family in the Nurata phytogeographic district by integrating nuclear ribosomal DNA (nrDNA ITS) sequences with mega-tree-based phylogenetic grafting approaches. ITS sequences of 88 Apiaceae taxa available in the NCBI GenBank database were aligned using MAFFT v7, and ambiguous alignment blocks were eliminated with Gblocks. Maximum Likelihood (ML) analysis was performed in RAxML v8.2.12 under the GTR+G substitution model with 1000 bootstrap replicates, utilizing Menyanthes trifoliata L. as an outgroup. A total of 99 taxa lacking molecular data were topologically placed into the backbone phylogeny following seed plant mega-tree framework rules: 24 taxa were placed directly or via synonyms, 13 based on the closest genus representative, 12 as sister groups to single-representative genera, and 46 as unresolved polytomies within the crown groups of their respective genera. Nucleotide diversity parameters were determined in MEGA v12.0.0 and DnaSP v6.12. The reconstructed 187-taxon tree provides a vital framework for phylogenetic diversity and conservation assessments.

Keywords: Apiaceae, Nurata phytogeographic district, nrDNA ITS, phylogenetic tree, Maximum Likelihood, RAxML, mega-tree, polytomy, bootstrap.

KIRISH

Apiaceae Lindl. (ziradoshlar yoki soyabonguldoshlar) oilasi yuksak gulli o‘simliklarning eng yirik, kosmopolit tarqalgan va ekologik-iqtisodiy jihatdan muhim oilalaridan biri bo‘lib, Yer yuzida 440 dan ziyod turkum va 3800 ga yaqin turni birlashtiradi [Downie et al., 2010; Sennikov, 2023]. Oila a’zolari o‘ziga xos murakkab soyabon to‘pgullari, efir moylariga boyligi va shizokarpik mevalarining anatomik tuzilishi bilan ajralib turadi. O‘zbekiston florasida ziradoshlar qurg‘oqchil cho‘l, adir va tog‘ mintaqalarining asosiy dominantlari hamda edifikatorlari qatoriga kiradi [Tojibaev et al., 2014, 2020a].

Nurota tog‘ tizmasi va unga tutash past tog‘larni o‘z ichiga olgan Nurota fitogeografik okrugi Markaziy Osiyo tog‘larining qadimiy qoldiq orollaridan biri bo‘lib, g‘arbdan Turon (Qizilqum) cho‘llari, janub va sharqdan Pomir-Oloy hamda G‘arbiy Tyanshan florasi tutashgan o‘ziga xos bioxilma-xillik markazi hisoblanadi [Zakirov, 1969; Kamelin, 1973; Beshko, 2011]. Nurota florasida Apiaceae oilasi o‘zining tur tarkibi boyligi, shuningdek, tor doiradagi mahalliy endemik va relikt

HSR (LONDON),
HOUGHTON STREET REVIEW JOURNAL
ISSN: 2058-5519|Impact factor-15.9
http://houghtonstreetreview.com/index.php/hsr

turlarining mavjudligi bilan ajralib turadi (masalan, Ferula dshizakensis, Komarovia anisosperma, Dorema microcarpum, Prangos lipskyi va b.) [Beshko, 2011; Sindorova et al., 2026].

Shu bilan birga, morfologik belgilarning yuqori darajada labilligi, konvergent o‘xshashliklar va meva belgilarining qisqarishi tufayli Apiaceae an’anaviy botanik tasnifda eng murakkab oilalardan biri bo‘lib kelmoqda. Yadro ribosoma DNKsining ichki transkripsiyalanuvchi spayserlari (nrDNA ITS1-5.8S-ITS2) ketma-ketliklari oila ichidagi taksonomik chegaralarni aniqlash, parafiletik guruhlarni qayta ko‘rib chiqish va qardoshlik aloqalarini xolisona baholashda asosiy molekulyar marker sifatida e’tirof etilgan [Downie et al., 2001, 2010; Spalik et al., 2007]. Biroq mahalliy floristik ro‘yxatlardagi barcha turlar bo‘yicha to‘liq sekvens ma’lumotlari mavjud bo‘lmagan vaziyatda zamonaviy bioinformatikada molekulyar tayanch daraxtga yetishmayotgan taksonlarni global mega-daraxtlar topologiyasi orqali joylashtirish (phylogenetic grafting) usuli keng qo‘llanilmoqda [Jin & Qian, 2019; Qian et al., 2023].

Ushbu tadqiqotning asosiy maqsadi — Nurota fitogeografik okrugida tarqalgan Apiaceae oilasi turlarining NCBI GenBank bazasidagi nrDNA ITS ketma-ketliklari hamda mega-daraxt integratsiyasi asosida to‘liq filogenetik daraxtini shakllantirish, ularning klada tarkibini aniqlash va molekulyar diversifikatsiya parametrlarini baholashdan iborat.

MATERIAL VA METODLAR

Namuna va ma’lumotlar manbalari. Tadqiqot uchun Nurota fitogeografik okrugi floristik ro‘yxatidagi Apiaceae oilasiga mansub taksonlar olindi. NCBI GenBank xalqaro ma’lumotlar bazasidan hudud florasiga mos keluvchi va taqqoslanadigan nrDNA ITS ketma-ketligi mavjud bo‘lgan 88 ta Apiaceae taksoni tanlab olinib, sekvenslar FASTA formatida yuklab olindi. Dala tadqiqotlarida to‘plangan o‘simlik namunalari O‘zbekiston Milliy gerbariysi (TASH) xalqaro fondi vaucherlari bilan taqqoslandi; turning zamonaviy xloroplast va yadro DNK accessionlari mos ravishda PX230056 (cpDNA) va PX632335 (nrDNA) sifatida kiritildi. Filogenetik daraxtni ildizlash (outgroup) maqsadida Apiales tartibiga qardosh bo‘lgan Asterales vakili — Menyanthes trifoliata L. (Menyanthaceae) turi tashqi guruh sifatida tanlandi.

Ketma-ketliklarni tekislash va filtrlash. Nukleotid ketma-ketliklari MAFFT v7.490 dasturida [Katoh & Standley, 2013] Auto/L-INS-i algoritmi asosida ko‘p karrali tekislandi. Tekislangan matrisadagi evolyutsion jihatdan gomologik bo‘lmagan, yuqori harakatchan bo‘shliqli (gap) bloklar Gblocks v0.91b dasturi [Castresana, 2000] yordamida qat’iy parametrlar asosida chiqarib tashlandi.

Maksimal ehtimollik (ML) filogenetik tahlili. Filogenetik asos RAxML v8.2.12 dasturida [Stamatakis, 2014] Maximum Likelihood usuli yordamida tiklandi. Nukleotidlar almashinuvining eng maqbul modeli sifatida GTR+G (General Time Reversible + Gamma taqsimoti) tanlandi. Shoxlanishlarning statistik ishonchliligi 1000 ta avtorapid bootstrap (BS) takrori orqali hisoblandi. Daraxt FigTree v1.4.4 dasturida [Rambaut, 2018] vizuallashtirildi.

Filogenetik joylashtirish (grafting) mezonlari. Dastlabki RAxML daraxtidagi 88 ta takson Nurota florasi bilan solishtirilganda, nomenklaturaviy sinonimlar va imlo variantlari moslashtirilgach,

HSR (LONDON),
HOUGHTON STREET REVIEW JOURNAL
ISSN: 2058-5519|Impact factor-15.9
http://houghtonstreetreview.com/index.php/hsr

daraxtda hudud florasiga tegishli 99 ta takson mavjud emasligi aniqlandi. Mazkur taksonlar global urug‘li o‘simliklar mega-daraxti (plant_megatree.tre) va turkum–oila tasnifi (plant_genus_list.csv) [Jin & Qian, 2019; Qian et al., 2023] asosida quyidagi qoidalar bo‘yicha joylashtirildi: 1) Yetishmagan taksonlarning 24 tasi yoki ularning sinonimlari mega-daraxtda bevosita topilib, eng yaqin RAxML taksoni yoniga biriktirildi; 2) Tur darajasida mega-daraxtda bo‘lmagan 13 ta takson uchun tegishli turkumning mega-daraxtdagi eng yaqin vakili asos qilib olindi; 3) RAxML daraxtida ayni turkumning faqat bitta vakili mavjud bo‘lgan hollarda 12 ta takson unga singil guruh (sister group) sifatida qo‘shildi; 4) Bir turkumning bir nechta vakili bo‘lgan hollarda 46 ta takson tegishli turkumning toj guruhiga (crown group) hal qilinmagan politomiya (unresolved polytomy) sifatida kiritildi; 5) Qolgan 4 ta takson triba darajasidagi bazal tugunlarga birlashtirildi.

Taksonlarni kiritishda dastlabki RAxML daraxtining topologiyasi, bootstrap qiymatlari va molekulyar taksonlarning shox uzunliklari to‘liq saqlandi. Yangi tugunlarga bootstrap qiymati berilmadi.

Molekulyar diversifikatsiyani hisoblash. Nukleotidlar xilma-xilligi (π), tranzitsiya/transversiya nisbatlari (R) MEGA v12.0.0 dasturida [Tamura et al., 2021] Tamura-Nei modeli asosida baholandi. Polimorf va parsimoniyaga informativ saytlar taqsimoti DnaSP v6.12 dasturida [Rozas et al., 2017] hisoblandi.

NATIJALAR

nrDNA ITS matrisasining molekulyar tavsifi. MAFFT va Gblocks filtrlashidan so‘ng olingan 88 ta Apiaceae taksoni va tashqi guruhning yakuniy tekislangan ITS matrisasi uzunligi 624 juft nukleotidni (j.n.) tashkil etdi. DnaSP dasturida o‘tkazilgan tahlillarga ko‘ra, umumiy 624 ta saytdan 371 tasi (59,4%) monomorf (konservativ), 253 tasi (40,6%) o‘zgaruvchan (polimorf) saytlardir. O‘zgaruvchan saytlarning 198 tasi parsimoniyaga informativ ekanligi qayd etildi (1-jadval).

1-jadval. Nurota okrugi Apiaceae turlarining nrDNA ITS matrisasi molekulyar-genetik ko‘rsatkichlari

№	Molekulyar parametrlar	Ko‘rsatkich qiymati
1	Tahlil qilingan ichki guruh taksonlari soni	88
2	Tashqi guruh (outgroup)	Menyanthes trifoliata L.
3	Tekislangan umumiy matrisa uzunligi (j.n.)	624
4	Konservativ (o‘zgarmas) saytlar soni	371 (59,4%)

HSR (LONDON),
HOUGHTON STREET REVIEW JOURNAL
ISSN: 2058-5519|Impact factor-15.9
http://houghtonstreetreview.com/index.php/hsr

№	Molekulyar parametrlar	Ko‘rsatkich qiymati
5	Polimorf (o‘zgaruvchan) saytlar soni (S)	253 (40,6%)
6	Parsimoniyaga informativ saytlar soni	198 (31,7%)
7	O‘rtacha GC tarkibi (%)	56,8%
8	Nukleotidlar xilma-xilligi (π)	0,1184 ± 0,009
9	Tranzitsiya/transversiya koeffitsienti (R)	1,84

MEGA v12.0.0 dasturida hisoblangan o‘rtacha nukleotid xilma-xilligi π = 0,1184 ga teng bo‘ldi. O‘rtacha GC ulushi 56,8% ni tashkil etib, nrDNA hududining ikkilamchi tuzilishi barqarorligini ko‘rsatdi. Tranzitsiyalarning transversiyalardan ustunligi (R = 1,84) kodlanmaydigan hududlarda purin-purin va pirimidin-pirimidin almashinuvlari tez-tez uchrashini tasdiqlaydi.

RAxML filogenetik daraxti topologiyasi. Tiklangan ML daraxtida barcha o‘rganilgan taksonlar yuqori statistik ishonchlilikka ega monofiletik klasterlarga ajraldi. Apiaceae oilasi ichida ikkita yirik kenja oila aniq differensiatsiyalashdi: bazal holatda joylashgan Saniculoideae (Eryngium L. vakillari bilan, BS = 98%) hamda asosiy Nurota turlarini birlashtirgan Apioideae (BS = 95%).

Apioideae kenja oilasi ichida Nurota florasi uchun xarakterli bo‘lgan bir nechta monofiletik tribalar shakllandi: 1) Scandiceae tribasi (BS = 89%): Ushbu yirik tarmoqda Ferula L., Dorema D.Don, Prangos Lindl., Komarovia Korovin va Coriandrum L. turkumlari birlashdi. Xususan, Dorema microcarpum ning Ferula shoxlari ichida joylashishi (BS = 92%) qayd etildi; 2) Apieae tribasi (BS = 84%): Bunium L., Elwendia Boiss. va Carum L. turkumlari o‘zaro yaqin klaster hosil qildi; 3) Bupleureae tribasi (BS = 96%): Bupleurum L. turkumi turlari erta ajralgan alohida mustaqil tarmoq sifatida ajraldi.

HSR (LONDON),
HOUGHTON STREET REVIEW JOURNAL
ISSN: 2058-5519|Impact factor-15.9
http://houghtonstreetreview.com/index.php/hsr



1-rasm. RAxML tahlili asosida tiklangan Nurota fitogeografik okrugi Apiaceae oilasining asosiy klada va tribalarining sxematik filogenetik munosabatlari.

To‘liq integratsiyalashgan (Grafted) filogenetik daraxt. Dastlabki 88 ta molekulyar taksonga mega-daraxt qoidalari asosida 99 ta tur kiritilgach, Nurota okrugining jami 187 ta Apiaceae taksonini o‘z ichiga olgan to‘liq filogenetik daraxt shakllantirildi (2-jadval).

2-jadval. Nurota florasi Apiaceae taksonlarining filogenetik daraxtga integratsiyalanish usullari taqsimoti

№	Integratsiya va joylashtirish usuli	Taksonlar soni	Ulushi (%)
1	Dastlabki RAxML tahlilida qatnashgan molekulyar taksonlar	88	47,1 %
2	Mega-daraxtda bevosita topilgan va singil guruh qilingan turlar	24	12,8 %
3	Mega-daraxtdagi eng yaqin turkum vakili orqali joylashtirilganlar	13	7,0 %

HSR (LONDON),
HOUGHTON STREET REVIEW JOURNAL
ISSN: 2058-5519|Impact factor-15.9
http://houghtonstreetreview.com/index.php/hsr

№	Integratsiya va joylashtirish usuli	Taksonlar soni	Ulushi (%)
4	Monovakil turkumlarga singil guruh sifatida biriktirilganlar	12	6,4 %
5	Turkumning toj guruhiga hal qilinmagan politomiya qilinganlar	46	24,6 %
6	Triba/kenja oila bazal tugunlariga joylashtirilgan taksonlar	4	2,1 %
Jami taksonlar:		**187**	**100,0%**

Kiritilgan taksonlar natijasida Ferula turkumining 18 ta kamyob va endemik turi mazkur turkumning toj politomiyasiga, Prangos turkumining 6 ta turi tegishli klasterga muvofiqlashtirildi. Bunda RAxML tayanch daraxtining chuqur tugunlari va bootstrap ishonchliligi to‘liq saqlandi.

MUHOKAMA

Nurota fitogeografik okrugi Apiaceae oilasi uchun olingan filogenetik daraxt mintaqa florasining evolyutsion differensiatsiyasini yangi molekulyar darajada talqin qilish imkonini beradi. Natijalar xalqaro tadqiqotlar [Downie et al., 2010; Panahi et al., 2018] xulosalari bilan to‘liq mos keladi.

Ayniqsa, Dorema D.Don turkumi turlarining RAxML tahlilida Ferula L. klasteri ichida joylashishi diqqatga sazovor. An’anaviy morfologik tizimlarda Dorema mevasining o‘ziga xos tuzilishi (qalinlashgan chetki qovurg‘alar va kanallarning o‘ziga xosligi) tufayli mustaqil turkum sifatida ajratilgan bo‘lsa-da, nrDNA ITS ma’lumotlari ushbu belgilarning konvergent xarakterga ega ekanligini va Dorema turlari Ferula ning ixtisoslashgan shoxchasi ekanligini isbotlaydi. Bu holat Nurotada o‘suvchi kamyob Dorema microcarpum ning taksonomik o‘rnini aniqlashtirishda muhim ahamiyatga ega.

Nurota tizmasining qadimiy endemik relikti hisoblangan Komarovia anisosperma Korovin turining Scandiceae tribasi tarkibida Prangos tarmog‘iga qardosh klaster sifatida ajralishi (BS = 88%) hududning qadimgi o‘rta dengizbo‘yi (Tethys) florasi qoldiqlari saqlanib qolgan refugium ekanligini tasdiqlaydi [Kamelin, 1973; Beshko, 2011].

Shuningdek, filogenetik daraxt Bunium va Elwendia turkumlari o‘rtasidagi chegaralanishni to‘liq tasdiqladi. Markaziy Osiyo ziradoshlarining so‘nggi reviziyalarida [Degtjareva et al., 2013] Bunium ning ko‘pgina turlari Elwendia ga o‘tkazilgan edi. Nurota florasidagi Elwendia ugamica va unga qardosh turlarning alohida monofiletik klaster hosil qilishi mazkur taksonomik o‘zgarishning filogenetik asosini ko‘rsatadi.

HSR (LONDON),
HOUGHTON STREET REVIEW JOURNAL
ISSN: 2058-5519|Impact factor-15.9
http://houghtonstreetreview.com/index.php/hsr

Sekvenslari mavjud bo‘lmagan 99 ta taksonni global mega-daraxt asosida integratsiyalash (grafting) orqali Nurota okrugi florasining to‘liq filogenetik xilma-xilligini (Phylogenetic Diversity — PD) hamda filogenetik endemizmini (PE) hisoblash uchun to‘liq taksonomik qamrov ta’minlandi [Jin & Qian, 2019]. Politomiya sifatida kiritilgan 46 ta takson bo‘yicha kelgusida xloroplast (rbcL, matK, trnL-F) va yadro genlari bo‘yicha qo‘shimcha sekvensirlash ishlarini olib borish politomiyalarni bartaraf etishning keyingi bosqichi hisoblanadi.

XULOSA

1. Nurota fitogeografik okrugida tarqalgan Apiaceae oilasining 88 ta taksoni nrDNA ITS ketma-ketliklari asosida Maximum Likelihood (RAxML, GTR+G) usuli yordamida yuqori statistik ishonchlilikka ega bo‘lgan tayanch filogenetik daraxti tiklandi.

2. ITS fragmenti bo‘yicha 624 j.n. uzunlikdagi matrisada 253 ta polimorf va 198 ta parsimoniyaga informativ saytlar aniqlanib, o‘rtacha nukleotid xilma-xilligi $\pi = 0{,}1184$ ga teng ekanligi va molekulyar markerning oila ichidagi taksonomik chegaralarni ajratishdagi yuqori informativligi ko‘rsatildi.

3. Molekulyar ma’lumotga ega bo‘lmagan 99 ta takson global urug‘li o‘simliklar mega-daraxti tamoyillari bo‘yicha muvofiqlashtirilib, Nurota okrugi Apiaceae florasining jami 187 ta taksonini birlashtirgan yaxlit integratsiyalashgan filogenetik daraxti yaratildi.

4. Filogenetik tahlillar Ferula va Dorema turkumlarining o‘zaro monofiletik yaxlitligini, Komarovia anisosperma ning relikt maqomini hamda Elwendia turkumining mustaqilligini tasdiqladi. Olingan natijalar Nurota florasining noyob va endemik genofondini filogenetik baholash va muhofaza qilish uchun fundamental zamin yaratadi.

FOYDALANILGAN ADABIYOTLAR RO‘YXATI:

1. Beshko, N. Y. (2011). Flora of vascular plants of the Nuratau nature reserve. Trudy Zapovednikov Uzbekistana, 7, 19–78. (In Russian).
2. Castresana, J. (2000). Selection of conserved blocks from multiple alignments for their use in phylogenetic analysis. Molecular Biology and Evolution, 17(4), 540–552. https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.molbev.a026334
3. Degtjareva, G. V., Kljuykov, E. V., Samigullin, T. H., Valiejo-Roman, C. M., & Pimenov, M. G. (2013). ITS phylogeny of Bunium (Apiaceae) and allied genera, with the description of Elwendia, a new genus from Central Asia. Phytotaxa, 130(1), 25–40. https://doi.org/10.11646/phytotaxa.130.1.3
4. Downie, S. R., Plunkett, G. M., Watson, M. F., Spalik, K., Katz-Downie, D. S., Valiejo-Roman, C. M., Terentieva, E. I., Troitsky, A. V., Lee, B. Y., Farris, J. S., & Pimenov, M. G. (2001). Tribes and clades within Apiaceae subfamily Apioideae: the contribution of molecular data. Edinburgh Journal of Botany, 58(2), 301–330.

HSR (LONDON),
HOUGHTON STREET REVIEW JOURNAL
ISSN: 2058-5519|Impact factor-15.9
http://houghtonstreetreview.com/index.php/hsr

5. Downie, S. R., Spalik, K., Katz-Downie, D. S., & Reduron, J. P. (2010). Major clades within Apiaceae subfamily Apioideae as inferred by phylogenetic analysis of nuclear and chloroplast DNA sequences. Plant Diversity and Evolution, 128(1–2), 111–136. https://doi.org/10.1127/1869-6155/2010/0128-0005
6. Jin, Y., & Qian, H. (2019). V.PhyloMaker: an R package that can generate very large phylogenies for vascular plants. Ecography, 42(8), 1353–1359. https://doi.org/10.1111/ecog.04434
7. Kamelin, R. V. (1973). Florogenetic analysis of the natural flora of mountainous Central Asia. Nauka. (In Russian).
8. Katoh, K., & Standley, D. M. (2013). MAFFT multiple sequence alignment software version 7: improvements in performance and usability. Molecular Biology and Evolution, 30(4), 772–780. https://doi.org/10.1093/molbev/mst010
9. Panahi, M., Banasiak, Ł., Piwczyński, M., Puchałka, R., Kanani, M. R., Oskolski, A. A., & Spalik, K. (2018). Taxonomy of the traditional medicinal plant genus Ferula (Apiaceae) is constrained by incongruence between nuclear ribosomal DNA and plastid DNA phylogenies. Botanical Journal of the Linnean Society, 188(4), 342–385. https://doi.org/10.1093/botlinnean/boy055
10. Qian, H., Jin, Y., & Ricklefs, R. E. (2023). V.PhyloMaker2: An updated and expanded tool for generating large-scale phylogenies of plants. Plant Diversity, 45(4), 481–487. https://doi.org/10.1016/j.pld.2023.01.002
11. Rambaut, A. (2018). FigTree v1.4.4: Tree Figure Drawing Tool. Institute of Evolutionary Biology, University of Edinburgh. http://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree/
12. Rozas, J., Ferrer-Mata, A., Sánchez-DelBarrio, J. C., Guirao-Rico, S., Librado, P., Ramos-Onsins, S. E., & Sánchez-Gracia, A. (2017). DnaSP 6: DNA sequence polymorphism analysis of large datasets. Molecular Biology and Evolution, 34(12), 3299–3302. https://doi.org/10.1093/molbev/msx248
13. Sennikov, A. N. (Ed.). (2023). Flora of Uzbekistan (Vol. 6). Ma'naviyat Publishers. (In Russian).
14. Sindorova, Ch. I., Sindorov, A. O'., & Toshpo'latov, O. M. (2026). Nurota fitogeografik okrugida Apiaceae oilasining xo'jalik ahamiyati. Xorazm Ma'mun akademiyasi axborotnomasi, 6/1(139), 217–219.
15. Spalik, K., Banasiak, Ł., Feist, M. A. E., & Downie, S. R. (2007). Recurrent short-distance dispersal explains wide distributions of Eryngium (Apiaceae: Saniculoideae) species. Journal of Biogeography, 34(10), 1753–1764. https://doi.org/10.1111/j.1365-2699.2007.01735.x
16. Stamatakis, A. (2014). RAxML version 8: a tool for phylogenetic analysis and post-analysis of large phylogenies. Bioinformatics, 30(9), 1312–1313. https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btu033
17. Tamura, K., Stecher, G., & Kumar, S. (2021). MEGA11: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 11. Molecular Biology and Evolution, 38(7), 3022–3027. https://doi.org/10.1093/molbev/msab120

HSR (LONDON),
HOUGHTON STREET REVIEW JOURNAL
ISSN: 2058-5519|Impact factor-15.9
http://houghtonstreetreview.com/index.php/hsr

18. Tojibaev, K. S., Beshko, N. Y., Karimov, F., Batoshov, A., Turginov, O., & Azimova, D. (2014). The data base of the flora of Uzbekistan. Journal of Arid Land Studies, 24(1), 157–160.
19. Tojibaev, K. S., Beshko, N. Y., Batoshov, A. R., Azimova, D. E., Yusupov, Z., Deng, T., & Sun, H. (2020a). Flora of the Dzhizak Province, Uzbekistan. Kunming Institute of Botany.
20. Zakirov, K. Z. (1969). Flora and vegetation of the Zeravshan river basin. Fan. (In Russian).