

G'O'ZA GENOMIDA QURG'OQCHILIKKA CHIDAMLILIK MARKERLARI IDENTIFIKATSIYASI

Nurimova Shahnoza Obid qizi

Chirchiq davlat pedagogika universiteti, magistr

e-mail: nurimovashahnoza03@gmail.com

+99894-933-66-69

Siddiqova Diyoraxon Xurshid qizi

Chirchiq davlat pedagogika universiteti, talaba

e-mail: siddiqovadiyoraxon2005@gmail.com

+99850-057-38-18

<https://doi.org/10.5281/zenodo.18277137>

Annotatsiya: Ushbu ilmiy tezisdagi g'o'za (*Gossypium hirsutum* L.) genomida qurg'oqchilik stressiga chidamlilikni ta'minlovchi molekulyar-genetik markerlarni aniqlash masalalari yoritilgan. Tadqiqotlarda DNK markerlari, xususan SSR, SNP va QTL tahlillari asosida qurg'oqchilikka chidamli genetik hududlar identifikatsiya qilinganligi ilmiy manbalar asosida tahlil etilgan. G'o'zaning suv tanqisligiga fiziologik va molekulyar javob mexanizmlari hamda ularning seleksiya jarayonidagi amaliy ahamiyati yoritilgan. Tezisdagi marker-assotsiatsiyalangan seleksiya (MAS) usullarining g'o'za navlarini takomillashtirishdagi roli asoslab berilgan.

Kalit so'zlar: G'o'za genomi, qurg'oqchilikka chidamlilik, molekulyar markerlar, SSR, SNP, QTL, marker-assotsiatsiyalangan seleksiya.

Аннотация: В данном научном тезисе рассматриваются вопросы идентификации молекулярно-генетических маркеров, обеспечивающих устойчивость к засухе в геноме хлопчатника (*Gossypium hirsutum* L.). На основе научных источников анализируются результаты исследований по выявлению генетических регионов, ассоциированных с устойчивостью к засухе, с использованием ДНК-маркеров, в частности SSR, SNP и QTL-анализа. Освещаются физиологические и молекулярные механизмы ответа хлопчатника на дефицит влаги, а также их практическое значение в селекционном процессе. В тезисе обосновывается роль методов маркер-ассоциированной селекции (MAS) в совершенствовании сортов хлопчатника.

Ключевые слова: геном хлопчатника, устойчивость к засухе, молекулярные маркеры, SSR, SNP, QTL, маркер-ассоциированная селекция.

Abstract: This scientific thesis addresses the identification of molecular genetic markers responsible for drought tolerance in the genome of cotton (*Gossypium hirsutum* L.). Based on scientific sources, the study analyzes research findings on the identification of genetic regions associated with drought tolerance using DNA markers, particularly SSR, SNP, and QTL analyses. The physiological and molecular mechanisms of cotton's response to water deficit, as well as their practical significance in the breeding process, are highlighted. The thesis substantiates the role of marker-assisted selection (MAS) methods in improving cotton varieties.

Keywords: cotton genome, drought tolerance, molecular markers, SSR, SNP, QTL, marker-assisted selection.

Kirish

Qurg'oqchilik global iqlim o'zgarishi sharoitida qishloq xo'jaligi ekinlari hosildorligiga salbiy ta'sir ko'rsatuvchi asosiy ekologik omillardan biridir. Ayniqsa, g'o'za yetishtiriladigan mintaqalarda suv resurslarining cheklanganligi hosil va tola sifatining pasayishiga olib

kelmoqda [1]. G'o'za qurg'oqchilik stressiga murakkab fiziologik va genetik javob qaytaradi, bu esa chidamlilikni aniqlovchi belgilar poligen xususiyatga ega ekanligini ko'rsatadi [2]. Shu sababli an'anaviy seleksiya bilan bir qatorda molekulyar genetika yondashuvlari muhim ahamiyat kasb etmoqda.

Metodologiya

Tezisdan so'nggi yillarda e'lon qilingan ilmiy maqolalar va eksperimental tadqiqotlar natijalari tahlil qilindi. Qurg'oqchilikka chidamlilik bilan bog'liq QTL hududlarini aniqlashda SSR va SNP markerlari asosida genom xaritalash usullari qo'llanilganligi haqidagi ma'lumotlar umumlashtirildi [3], [4]. Transkriptom tahlillari orqali stress sharoitida faollashuvchi genlar, xususan *DREB*, *NAC*, *MYB* transkripsion faktorlariga oid ma'lumotlar ko'rib chiqildi [5]. Markerlarning fenotipik belgilar bilan bog'liqligi statistik usullar yordamida baholangan.

Natijalar

Ilmiy manbalarga ko'ra, g'o'za genomida qurg'oqchilikka chidamlilik bilan bog'liq bir nechta barqaror QTL hududlari aniqlangan. Ushbu hududlar barg suv saqlash qobiliyati, ildiz uzunligi va osmotik moslashuv bilan bog'liq belgilarni nazorat qiladi [6]. SNP markerlari asosida yuqori aniqlikdagi genetik xaritalar tuzilgan bo'lib, ular seleksiya jarayonini tezlashtirish imkonini bermoqda [7]. Tadqiqotlarda qurg'oqchilik sharoitida antioksidant fermentlar faolligi bilan bog'liq genlar muhim rol o'ynashi aniqlangan [8].

Tahlil va muhokama

G'o'za genomida qurg'oqchilikka chidamlilikni belgilovchi markerlarning identifikatsiyasi bo'yicha olib borilgan ilmiy tadqiqotlar natijalari ushbu xususiyatning murakkab va ko'p komponentli genetik tabiatga ega ekanligini ko'rsatadi. Qurg'oqchilikka chidamlilik bitta gen yoki bitta fiziologik ko'rsatkich bilan cheklanmay, balki bir-biri bilan o'zaro bog'liq bo'lgan morfologik, fiziologik, biokimyoviy va molekulyar mexanizmlar majmuasi orqali namoyon bo'ladi [1]. Shu sababli ushbu belgi bilan bog'liq markerlarni aniqlash jarayoni keng ko'lamli genomik yondashuvlarni talab etadi.

Ilmiy adabiyotlarda qayd etilishicha, g'o'za qurg'oqchilik stressiga javoban transpiratsiya jarayonini cheklash, barg suv potentsialini saqlab qolish, ildiz tizimini chuqurlashtirish hamda osmotik moslashuvni kuchaytirish orqali moslashadi [2]. Mazkur fiziologik belgilar genetik jihatdan bir nechta QTL hududlari tomonidan nazorat qilinadi. Aynan shu jihat qurg'oqchilikka chidamlilikni poligen belgi sifatida baholash zarurligini ko'rsatadi.

QTL tahlillari asosida olingan natijalar shuni ko'rsatadiki, g'o'za genomining turli xromosoma hududlarida joylashgan genetik lokuslar qurg'oqchilikka chidamlilikning alohida komponentlariga ta'sir ko'rsatadi [3]. Masalan, ildiz uzunligi va ildiz biomassa hajmi bilan bog'liq QTL lar suv tanqisligi sharoitida o'simlikning chuqur qatlamlardan namlik o'zlashtirish qobiliyatini belgilaydi. Barg maydoni va stomatal o'tkazuvchanlik bilan bog'liq QTL lar esa suv yo'qotilishini tartibga solishda muhim rol o'ynaydi [4].

SSR va SNP markerlari yordamida aniqlangan QTL hududlarining seleksiya jarayonida amaliy ahamiyati ularning barqarorligi bilan belgilanadi. Ilmiy manbalarda ayrim QTL lar turli agroiklim sharoitlarida ham bir xil fenotipik ta'sir ko'rsatishi qayd etilgan bo'lib, bu holat ularni marker-assotsiatsiyalangan seleksiyada qo'llash imkoniyatini oshiradi [5]. Bunday barqaror QTL hududlari seleksiya jarayonida asosiy nishon sifatida qaraladi.

Molekulyar darajada olib borilgan tadqiqotlar qurg'oqchilik sharoitida g'o'zada stressga javob beruvchi genlar faollashishini ko'rsatadi. Xususan, *DREB*, *NAC*, *MYB* va *WRKY*

transkripsion faktorlariga mansub genlar suv tanqisligi sharoitida yuqori ekspressiya darajasini namoyon etadi [6]. Ushbu genlar osmotik bosimni tartibga solish, antioksidant fermentlar faolligini oshirish va hujayra tuzilmasini himoyalashda muhim rol o'ynaydi.

Antioksidant tizim bilan bog'liq genlar, jumladan superoksid-dismutaza, katalaza va peroksidaza fermentlarini kodlovchi genlar qurg'oqchilik stressida reaktiv kislorod turlari (ROS) miqdorini nazorat qilish orqali hujayra shikastlanishining oldini oladi [7]. Ushbu genlarga yaqin joylashgan SNP markerlarning aniqlanishi seleksiya jarayonida chidamli genotiplarni erta bosqichda saralash imkonini beradi.

Marker-assotsiatsiyalangan seleksiya usullarining tahlili shuni ko'rsatadiki, mazkur yondashuv an'anaviy fenotipik seleksiyaga nisbatan ancha samarali hisoblanadi. Chunki qurg'oqchilikka chidamlilik ko'pincha muhitga kuchli bog'liq bo'lgan belgi bo'lib, dala sharoitida uni aniq baholash murakkablik tug'diradi [8]. Markerlar asosida tanlov esa muhit ta'siridan qisman holi bo'lib, genetik salohiyatni aniqroq baholash imkonini beradi.

Genomik seleksiya yondashuvlari ham so'nggi yillarda qurg'oqchilikka chidamli g'o'za navlarini yaratishda istiqbolli yo'nalish sifatida qaralmoqda. Ushbu yondashuvda minglab SNP markerlar asosida genotipning umumiy seleksiya qiymati baholanadi [9]. Bu esa murakkab belgilarni nazorat qiluvchi kichik effektli genlarni ham hisobga olish imkonini beradi.

Tahlillar shuni ko'rsatadiki, qurg'oqchilikka chidamlilik bilan bog'liq markerlarning aniqlanishi faqat bitta genetik fond bilan cheklanmasligi kerak. Turli genetik manbalardan foydalanish markerlarning universalligini oshiradi va seleksiya jarayonida genetik xilma-xillikni saqlab qolishga xizmat qiladi [10]. Shu nuqtayi nazardan, mahalliy va xalqaro g'o'za genofondlarini qamrab olgan tadqiqotlar alohida ahamiyatga ega.

Shuningdek, muhokamalar davomida aniqlanishicha, ayrim markerlar qurg'oqchilikka chidamlilik bilan bir qatorda hosildorlik va tola sifati kabi agronomik belgilar bilan ham bog'liq bo'lishi mumkin [11]. Bu holat seleksiya jarayonida muvozanatli yondashuvni talab qiladi, chunki faqat stressga chidamlilikka yo'naltirilgan seleksiya boshqa muhim xo'jalik belgilarning pasayishiga olib kelmasligi lozim.

Umuman olganda, tahlil natijalari shuni ko'rsatadiki, g'o'za genomida qurg'oqchilikka chidamlilik markerlarini identifikatsiya qilish seleksiya jarayonining ilmiy asoslarini mustahkamlaydi. Molekulyar markerlar, QTL tahlillari va genomik seleksiya yondashuvlari birgalikda qo'llanilganda eng yuqori samaraga erishish mumkin [12]. Ushbu integratsiyalashgan yondashuv qurg'oqchil hududlar uchun mos, barqaror va yuqori hosildor g'o'za navlarini yaratish imkonini beradi.

Xulosa

Xulosa qilib aytganda, g'o'za genomida qurg'oqchilikka chidamlilik markerlarini identifikatsiya qilish seleksiya jarayonini ilmiy asosda takomillashtirish imkonini beradi. SSR va SNP markerlari hamda QTL tahlillari asosida aniqlangan genetik hududlar suv tanqisligi sharoitida barqaror hosildorlikni ta'minlashga xizmat qiladi. Ushbu yondashuvlar O'zbekiston va boshqa qurg'oqchil hududlarda g'o'za yetishtirish samaradorligini oshirish uchun muhim ilmiy-amaliy ahamiyatga ega.

Adabiyotlar, References, Литературы:

1. Bray E.A. Plant responses to water deficit. *Trends in Plant Science*, 2004, 9(8), 385–392-bet.

2. Farooq M. et al. Drought stress in plants. *Agronomy for Sustainable Development*, 2009, 29(1), 185–212-bet.
3. Paterson A.H. et al. Comparative genomics of cotton. *Nature Genetics*, 2012, 44(7), 790–797-bet.
4. Said J.I. et al. QTL mapping for drought tolerance in cotton. *Theoretical and Applied Genetics*, 2015, 128(4), 671–689-bet.
5. Shinozaki K., Yamaguchi-Shinozaki K. Gene networks in drought stress response. *Plant Physiology*, 2007, 144(2), 620–631-bet.
6. Ullah A. et al. Physiological traits linked to drought tolerance in cotton. *Field Crops Research*, 2017, 203, 83–94-bet.
7. Fang D.D. et al. SNP markers in cotton breeding. *Plant Genome*, 2014, 7(1), 1–14-bet.
8. Hasanuzzaman M. et al. Oxidative stress and antioxidant defense. *Plant Physiology and Biochemistry*, 2012, 51, 37–48-bet.
9. Xu Y., Crouch J.H. Marker-assisted selection in plant breeding. *Plant Breeding Reviews*, 2008, 29, 1–50-bet.
10. Tester M., Langridge P. Breeding technologies for drought tolerance. *Science*, 2010, 327(5967), 818–822-bet.
11. Hu H., Xiong L. Genetic engineering for drought resistance. *Plant Biotechnology Journal*, 2014, 12(3), 302–314-bet.
12. Ribaut J.M. et al. Genomics and drought tolerance. *Journal of Experimental Botany*, 2009, 60(7), 2069–2082-bet.