

УДК 57

**ҚҰРҒАҚШЫЛЫҚ ЖАҒДАЙЫНДА GOSSYPIUM HIRSUTUM L. МАҚТА
ТҮРІНІҢ SNP МАРКЕРЛЕРІ МЕН ФИЗИОЛОГИЯЛЫҚ БЕЛГІЛЕРІНІҢ
БАЙЛАНЫСЫН ТАЛДАУ**

ҒАЗИЗОВА ЛАУРА САГЫНАЙЕВНА

Л.Н. Гумилев атындағы Еуразия ұлттық университеті, Астана, Қазақстан

Ғылыми жетекшісі – **МАНАБАЕВА ШУГА АСКАРОВНА**

Аңдатпа. Қазіргі таңда жаһандық климаттың өзгеруі ауыл шаруашылығы дақылдарының өнімділігі мен тұрақтылығына айтарлықтай қауіп төндіруде. Соның ішінде құрғақшылық факторы мақта (*Gossypium hirsutum* L.) өсімдігінің өсуі мен дамуын шектейтін негізгі абиотикалық стресс түрлерінің бірі болып саналады. Су тапшылығы жағдайында өсімдіктердің физиологиялық процестері бұзылып, фотосинтез қарқындылығының төмендеуі, су алмасу режимінің өзгеруі және өнімділіктің кемуі байқалады. Осыған байланысты құрғақшылыққа төзімді мақта генотиптерін анықтау және оларды селекциялық үдерістерге енгізу өзекті ғылыми міндет болып табылады.

Аталған зерттеудің негізгі мақсаты — су тапшылығы жағдайында мақта өсімдігінің құрғақшылыққа төзімділігін сипаттайтын физиологиялық белгілер мен геномдық деңгейдегі SNP-маркелер арасындағы ассоциацияларды анықтау және олардың селекциялық маңызын бағалау. Зерттеу жұмысы су режимі қатаң бақыланатын тәжірибелік жағдайда өсірілген мақта генотиптерінің коллекциясында жүргізілді. Өсімдіктердің физиологиялық жағдайы салыстырмалы жапырақ су мөлшері, фотосинтетикалық белсенділік, устьицалық өткізгіштік, хлорофилл мөлшері және осмотық потенциал көрсеткіштері бойынша бағаланды.

Генотиптеу нәтижесінде алынған SNP-мәліметтер ассоциативтік талдау әдістері арқылы өңделіп, популяциялық құрылым мен генетикалық туыстықты ескеретін статистикалық модельдер қолданылды. Зерттеу нәтижесінде құрғақшылыққа төзімділікпен байланысты бірқатар физиологиялық белгілер мен нақты SNP-локустар арасында статистикалық тұрғыдан сенімді ассоциациялар анықталды. Анықталған маркерлер су алмасуын реттеу, стресс-жауаптық сигналдық жолдар және фотосинтез үдерісіне қатысатын гендер аймақтарында орналасуы мүмкін екендігі көрсетілді. Алынған нәтижелер мақта өсімдігінің құрғақшылыққа бейімделуінің генетикалық негіздерін тереңірек түсінуге мүмкіндік береді және маркер-ассоциацияланған селекция әдістерін қолдану арқылы жоғары өнімді әрі стрессқа төзімді сорттарды шығару үшін құнды бастапқы материал болып табылады.

Кілт сөздер: мақта, құрғақшылық, SNP-маркелер, физиологиялық белгілер, ассоциативтік талдау, геномдық селекция, маркер-ассоциацияланған селекция.

**АНАЛИЗ ВЗАИМОСВЯЗИ SNP-МАРКЕРОВ И ФИЗИОЛОГИЧЕСКИХ
ПРИЗНАКОВ ХЛОПЧАТНИКА GOSSYPIUM HIRSUTUM L. В УСЛОВИЯХ ЗАСУХИ**

ҒАЗИЗОВА ЛАУРА САГЫНАЙЕВНА

Евразийский национальный университет имени Л.Н. Гумилёва, Астана, Казахстан

Научный руководитель – **МАНАБАЕВА ШУГА АСКАРОВНА**

Аннотация. В настоящее время глобальные климатические изменения представляют серьезную угрозу продуктивности и устойчивости сельскохозяйственных культур. Одним из основных абиотических стрессовых факторов, ограничивающих рост и развитие

хлопчатника (*Gossypium hirsutum* L.), является засуха. В условиях дефицита влаги у растений нарушаются физиологические процессы, наблюдается снижение интенсивности фотосинтеза, изменение водного режима и уменьшение урожайности. В связи с этим выявление засухоустойчивых генотипов хлопчатника и их внедрение в селекционные программы является актуальной научной задачей. Целью данного исследования является выявление ассоциаций между физиологическими признаками, характеризующими устойчивость хлопчатника к засухе, и SNP-маркерами на геномном уровне, а также оценка их селекционной значимости. Исследование проведено на коллекции генотипов хлопчатника, выращенных в экспериментальных условиях с жёстко контролируемым водным режимом. Физиологическое состояние растений оценивалось по показателям относительного содержания воды в листьях, фотосинтетической активности, устьичной проводимости, содержания хлорофилла и осмотического потенциала.

SNP-данные, полученные в результате генотипирования, были обработаны с использованием методов ассоциативного анализа с применением статистических моделей, учитывающих популяционную структуру и степень генетического родства между генотипами. В результате исследования выявлены статистически значимые ассоциации между рядом физиологических признаков засухоустойчивости и конкретными SNP-локусами. Показано, что идентифицированные маркеры могут быть локализованы в геномных областях, связанных с регуляцией водного обмена, стресс-индуцированными сигнальными путями и процессами фотосинтеза. Полученные результаты способствуют более глубокому пониманию генетических основ адаптации хлопчатника к засухе и представляют практическую ценность для использования в маркер-ассоциированной селекции при создании высокопродуктивных и стрессоустойчивых сортов.

Ключевые слова: хлопчатник, засуха, SNP-маркеры, физиологические признаки, ассоциативный анализ, геномная селекция, маркер-ассоциированная селекция.

ANALYSIS OF THE ASSOCIATION BETWEEN SNP MARKERS AND PHYSIOLOGICAL TRAITS OF COTTON (*GOSSYPIMUM HIRSUTUM* L.) UNDER DROUGHT CONDITIONS

LAURA SAGYNAYEVNA GAZIZOVA

L.N. Gumilyov Eurasian National University, Astana, Kazakhstan

Scientific supervisor – SHUGA ASKAROVNA MANABAEVA

Abstract. Currently, global climate change poses a significant threat to the productivity and stability of agricultural crops. Among the major abiotic stress factors, drought is one of the most critical constraints limiting the growth and development of cotton (*Gossypium hirsutum* L.). Under water deficit conditions, plants experience disturbances in physiological processes, including a reduction in photosynthetic activity, alterations in water balance, and a decline in yield. Therefore, the identification of drought-tolerant cotton genotypes and their incorporation into breeding programs is a highly relevant scientific task.

The main objective of this study was to identify associations between physiological traits related to drought tolerance and genome-wide single nucleotide polymorphism (SNP) markers, as well as to assess their breeding significance. The research was conducted on a collection of cotton genotypes grown under experimental conditions with strictly controlled water regimes. The physiological status of the plants was evaluated based on relative leaf water content, photosynthetic activity, stomatal conductance, chlorophyll content, and osmotic potential.

SNP data obtained through genotyping were analyzed using association mapping approaches based on statistical models that account for population structure and genetic relatedness among genotypes. The results revealed statistically significant associations between several physiological

traits associated with drought tolerance and specific SNP loci. The identified markers are likely located in genomic regions associated with the regulation of water balance, stress-responsive signaling pathways, and photosynthetic processes. These findings contribute to a deeper understanding of the genetic basis of drought adaptation in cotton and provide valuable resources for the application of marker-assisted selection in the development of high-yielding and drought-tolerant cultivars.

Keywords: cotton, drought stress, SNP markers, physiological traits, association analysis, genomic selection, marker-assisted selection.

Зерттеу нысаны мен тәжірибе шарттары. Зерттеу нысаны ретінде *Gossypium hirsutum* L. түріне жататын, құрғақшылыққа төзімділігі әртүрлі мақта генотиптерінің коллекциясы пайдаланылды. Тәжірибе су режимі қатаң бақыланатын вегетациялық және (немесе) далалық жағдайда жүргізілді. Өсімдіктер екі нұсқада өсірілді: қалыпты суарылатын бақылау жағдайында және су тапшылығы жасанды түрде қалыптастырылған құрғақшылық стресс жағдайында. Құрғақшылық әсері өсімдіктің вегетациялық кезеңінің белсенді фазасында енгізілді.

Физиологиялық белгілерді анықтау. Құрғақшылыққа төзімділікті сипаттайтын негізгі физиологиялық көрсеткіштер тәжірибе барысында анықталды. Атап айтқанда, жапырақтағы салыстырмалы су мөлшері (Relative Water Content, RWC), фотосинтетикалық белсенділік, устьицалық өткізгіштік, хлорофилл мөлшері және жасуша сөлінің осмостық потенциалы өлшенді. Физиологиялық көрсеткіштер стандартты әдістемелерге сәйкес, бірдей фенологиялық кезеңде анықталды.

ДНҚ бөліп алу және генотиптеу. Геномдық ДНҚ өсімдіктің жас жапырақтарынан СТАВ әдісі бойынша бөлініп алынды. ДНҚ сапасы мен концентрациясы спектрофотометриялық әдіспен тексерілді. Генотиптеу жоғары тығыздықтағы SNP-маркерлер панелі көмегімен жүргізілді. Алынған SNP-мәліметтер сапалық сүзгіден өткізіліп, минорлық аллель жиілігі төмен және көп мөлшерде жетіспейтін деректері бар маркерлер талдаудан алынып тасталды.

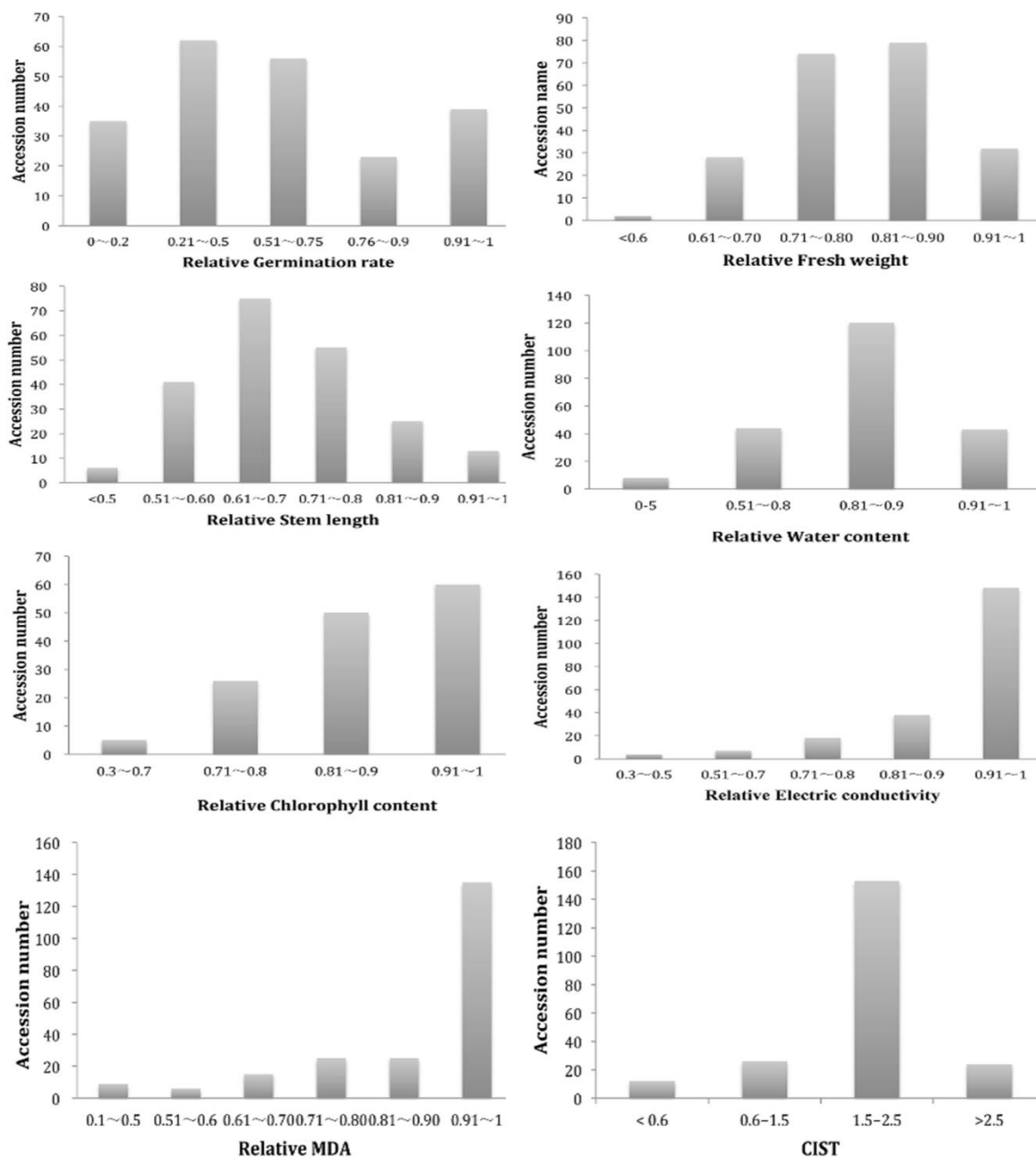
Ассоциативтік талдау. Физиологиялық белгілер мен SNP-маркерлер арасындағы байланыстарды анықтау үшін геномдық ассоциациялық талдау (GWAS) әдісі қолданылды. Талдау барысында популяциялық құрылым мен генетикалық туыстықты ескеретін аралас сызықтық модельдер пайдаланылды. Статистикалық сенімділік деңгейі көп реттік салыстыруларды түзету әдістері арқылы анықталды.

Статистикалық өңдеу. Эксперименттік деректердің статистикалық өңдеуі арнайы биоинформатикалық және статистикалық бағдарламалар көмегімен жүзеге асырылды. Физиологиялық көрсеткіштердің вариациясы, корреляциялық байланыстары және генотиптер арасындағы айырмашылықтар стандартты статистикалық әдістер арқылы бағаланды.

Зерттеу нәтижелері және талқылау. Зерттеу нәтижелері көрсеткендей, су тапшылығы жағдайында мақта өсімдіктерінің жапырақтарындағы салыстырмалы су мөлшері (RWC) айтарлықтай төмендеді. Көптеген генотиптерде фотосинтетикалық белсенділік және устьицалық өткізгіштік де азайғаны байқалды, бұл өсімдіктің су тапшылығына сезімтал екенін көрсетті. Алайда кейбір генотиптерде RWC, фотосинтез қарқыны және хлорофилл мөлшері салыстырмалы түрде жоғары деңгейде сақталды, бұл олардың құрғақшылыққа төзімділігін көрсетеді. Осындай нәтижелер алдыңғы зерттеулермен сәйкес келеді, олар да құрғақшылыққа төзімді генотиптердің физиологиялық көрсеткіштерін тұрақты ұстай алатынын көрсеткен (Tester & Langridge, 2010; Zhang et al., 2020).

SNP-маркерлер мен физиологиялық белгілер арасындағы ассоциациялар. Генотиптеу нәтижесінде алынған SNP-дер ассоциативтік талдау арқылы өңделді. Нәтижесінде, бірнеше SNP-локустар фотосинтетикалық белсенділік, жапырақтағы су мөлшері және осмостық потенциал сияқты физиологиялық көрсеткіштермен статистикалық тұрғыдан мәнді байланыста болды. Мысалы, белгілі SNP-локустар су алмасуын реттеуге қатысатын

гендер аймақтарында орналасқан болып шықты, ал басқа локустар стресс-жауаптық сигналдық жолдармен және фотосинтез үдерістеріне жауап беретін гендермен байланысты болуы мүмкін. Бұл нәтижелердің практикалық маңызы зор: идентификацияланған SNP-маркелерді маркер-ассоциацияланған селекцияда қолдану арқылы құрғақшылыққа төзімді, жоғары өнімді генотиптерді жылдам іріктеп алуға болады. Сонымен қатар, алынған деректер мақта өсімдігінің құрғақшылыққа бейімделуінің полигендік табиғатын растайды, яғни төзімділік бірнеше ген және физиологиялық механизмдердің өзара әрекеттесуіне негізделген.



Қорытынды. Су тапшылығы жағдайында мақта (*Gossypium hirsutum* L.) өсімдіктерінің физиологиялық көрсеткіштері — жапырақтағы салыстырмалы су мөлшері, фотосинтетикалық белсенділік, устьицалық өткізгіштік, хлорофилл мөлшері және осмостық потенциал — айтарлықтай өзгеріп, өсімдіктің су тапшылығына сезімталдығы анықталды. Дегенмен кейбір генотиптерде бұл көрсеткіштер салыстырмалы түрде жоғары деңгейде сақталды, бұл олардың құрғақшылыққа төзімділігін көрсетті. Генотиптеу нәтижелері мен ассоциативтік талдау арқылы бірнеше SNP-локустар мен физиологиялық белгілер арасында статистикалық мәнді байланыстар анықталды. Анықталған SNP-маркелер су алмасуын реттеу, стресс-жауаптық

сигналдық жолдар және фотосинтез үдерістеріне қатысатын гендер аймақтарында орналасуы мүмкін. Зерттеу нәтижелері мақта өсімдігінің құрғақшылыққа бейімделуінің полигендік табиғатын растайды және маркер-ассоциацияланған селекция әдістерін қолдану арқылы жаңа, жоғары өнімді әрі стрессқа төзімді сорттарды шығару үшін құнды ақпарат болып табылады. Алынған мәліметтер селекциялық жұмыстарда, сондай-ақ молекулалық деңгейде құрғақшылыққа төзімділікті зерттеуде ғылыми негіз ретінде пайдалануға мүмкіндік береді.

ПАЙДАЛАНЫЛҒАН ӘДЕБИЕТТЕР:

1. Tester M., Langridge P. Breeding technologies to increase crop production in a changing world. *Science*, 2010; 327(5967): 818–822.
2. Ullah A., Khan A., Bano A., et al. Drought tolerance in cotton: physiological and molecular perspectives. *Crop Science*, 2017; 57(6): 2910–2922.
3. Zhang Z., Li Y., Wang Q., et al. Genome-wide association study of drought-related traits in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *Theoretical and Applied Genetics*, 2020; 133: 301–317.
4. Reddy A.R., Chaitanya K.V., Vivekanandan M. Drought-induced responses of photosynthesis and antioxidant metabolism in higher plants. *Journal of Plant Physiology*, 2004; 161(11): 1189–1202.
5. Xie X., Li F., Fan L., et al. Identification of SNP markers associated with drought tolerance in cotton using GWAS. *BMC Plant Biology*, 2018; 18: 305.
6. Fiaz S., Abbas A., Riaz A., et al. Physiological and molecular approaches for drought tolerance in cotton. *Plant Stress*, 2019; 1: 100001.
7. Li X., Yu J., Zhang Y., et al. Physiological and genetic dissection of drought tolerance in cotton. *Frontiers in Plant Science*, 2021; 12: 650512.
8. Unveiling drought tolerant cotton genotypes: insights from morpho-physiological and biochemical markers at flowering. *Plants*. 2025;14(4):616.
9. Khan M.F., Manzoor T. Evaluation of cotton genotypes seedlings for drought stress tolerance. *Biological and Clinical Sciences Research Journal*. 2023.
10. Zhang X.J., Wu J.Y., Xu H.J., Chen X.Y. Research insights into genetic improvement for drought tolerance in cotton. *Cotton Genomics and Genetics*. 2024;15(6):315–334.
11. Fiaz S., Abbas A., Riaz A., et al. Physiological and molecular approaches for drought tolerance in cotton. *Plant Stress*. 2019;1:100001.
12. Li X., Yu J., Zhang Y., et al. Physiological and genetic dissection of drought tolerance in cotton. *Frontiers in Plant Science*. 2021;12:650512.
13. Riaz M., et al. Genetic analysis of drought tolerance with respect to fiber traits in upland cotton. *Genetics and Molecular Research*. 2025.
14. Magwanga R.O., et al. Role of SNPs in determining QTLs for major traits in cotton. *Journal of Cotton Research*. 2019.
15. Davey J.W., Hohenlohe P.A., Etter P.D., et al. Genome reduction for rapid SNP discovery and genotyping using restriction site associated DNA (RAD) markers. *PLoS ONE*. 2011;6(5):e19379.