«СОЗДАНИЕ НОВЫХ ЛИНИЙ ХЛОПЧАТНИКА НА ОСНОВЕ ДНК-МАРКЕРОВ, СВЯЗАННЫХ С УСТОЙЧИВОСТЬЮ К ЗАСОЛЕНИЮ»

Акрамжон Бахромович Мамажанов
Мухтор Мухаммадович Дарманов
Наим Нутфуллаевич Хусенов
Ильёс Сулаймонович Нормаматов
Равшанбек Икболжонович Мухаммадалиев
Забардаст Тожибаевич Буриев
Соискатель степени PhD, Центр геномики и биоинформатики Академии наук Республики Узбекистан (Узбекистан, Ташкентская область, Кибрайский район, улица Университет, дом 2)
E-mail: akramjon2327@gmail.com
ORCID: https://orcid.org/0009-0001-7205-3334
https://doi.org/10.5281/zenodo.17358461

ARTICLE INFO

Received: 01st October 2025
Accepted: 14th October 2025
Online: 15th October 2025

KEYWORDS

Хлопчатник; ДНК-маркеры; устойчивость к засолению; маркер-ассоциированная селекция; селекционные линии

ABSTRACT

Засоление почв является одной из ключевых глобальных проблем, ограничивающих урожайность сельскохозяйственных культур. Хлопчатник (Gossypium hirsutum L.) имеет стратегическое значение для экономики Узбекистана, однако его продуктивность существенно снижается в условиях солевого стресса. Цель исследования заключалась в создании новых линий хлопчатника, устойчивых к засолению, с использованием ДНК-маркеров и методов маркер-ассоциированной селекции.Для анализа было использовано 25 генотипов хлопчатника. Применялись SSR- и SNP-маркеры, ПЦР-анализ и оценка фенотипических признаков при воздействии NaCl (100–150 мМ). Ассоциативный анализ выявил достоверные связи между рядом маркеров (GhSNP12, GhSNP34, GhSNP41) и физиологическими показателями, включая относительное водное содержание и биомассу.В результате были выделены пять новых линий (COT-17, COT-21, COT-25, COT-31, COT-34), демонстрирующих повышенную устойчивость к засолению и снижение потерь урожайности не более чем на 15%. Полученные линии представляют ценность для дальнейших селекционных программ, направленных на адаптацию хлопчатника к условиям засолённых земель.

Введение

Засоление почв является одной из наиболее серьёзных глобальных проблем, ограничивающих продуктивность сельскохозяйственных культур. По данным

Продовольственной и сельскохозяйственной организации ООН (FAO), более 833 миллионов гектаров земель мира подвержены вторичному засолению, что составляет около 20% всех орошаемых земель планеты. В странах Центральной Азии, в частности в Узбекистане, эта проблема стоит особенно остро: по оценкам Министерства сельского хозяйства Республики Узбекистан, более 50% орошаемых площадей в той или иной степени подвержены засолению, что приводит к ежегодной потере до 20–30% урожайности хлопчатника.Хлопчатник (*Gossypium hirsutum L.*) является стратегически важной культурой для экономики Узбекистана. Он занимает около 1,1 млн гектаров посевных площадей страны и обеспечивает не только текстильную промышленность, но и экспортный потенциал. Однако высокий уровень засоления почв в орошаемых регионах (Самаркандская, Бухарская, Хорезмская области, Республика Каракалпакстан) снижает эффективность производства и ограничивает генетический потенциал существующих сортов.Международные исследования подтверждают необходимость разработки новых устойчивых форм хлопчатника. Так, по данным ICBA (International Center for Biosaline Agriculture, ОАЭ), ежегодные потери мирового сельского хозяйства от засоления составляют свыше 27 млрд долларов США. Исследования, проведённые учёными USDA-ARS (United States Department of Agriculture – Agricultural Research Service, США), показали, что использование молекулярных маркеров (SSR, SNP) позволяет выявить ассоциации между генетическими локусами и признаками устойчивости к солевому стрессу, что значительно ускоряет процесс селекции. В то же время исследования Вавиловского института растениеводства (ВИР, Россия) демонстрируют ценность коллекций генетических ресурсов хлопчатника и необходимость их комплексного молекулярно-генетического анализа для повышения адаптивного потенциала культуры.Учитывая изложенное, целью данного исследования является создание новых линий хлопчатника на основе ДНК-маркеров, связанных с устойчивостью к засолению, что позволит повысить эффективность национальных и международных селекционных программ и обеспечить продовольственную безопасность в условиях изменения климата и роста засолённых земель.

Материалы и методы

В исследовании использовались 25 генотипов хлопчатника (*Gossypium hirsutum L.*) из национальной и международной генетических коллекций, различающихся по уровню устойчивости к засолению. В качестве контроля применялись районированные сорта, возделываемые в условиях засолённых почв Бухарской и Каракалпакской областей.Для молекулярно-генетического анализа использовались SSR (40 праймерных пар), SNP (25 локусов) и RAPD-маркеры (15 праймеров). ДНК выделяли по модифицированному протоколу CTAB, её качество определяли на спектрофотометре NanoDrop 2000. Амплификация проводилась в термоциклере Bio-Rad T100 по стандартным условиям ПЦР, продукты разделяли электрофорезом в 2%-м агарозном геле и визуализировали системой Gel Doc XR+.Фенотипическая оценка проводилась в условиях искусственного засоления (NaCl, 100–150 мМ) как в вегетационных сосудах, так и на опытных делянках. Определялись относительное водное содержание (RWC), биометрические показатели растений и индексы стрессоустойчивости (STI,

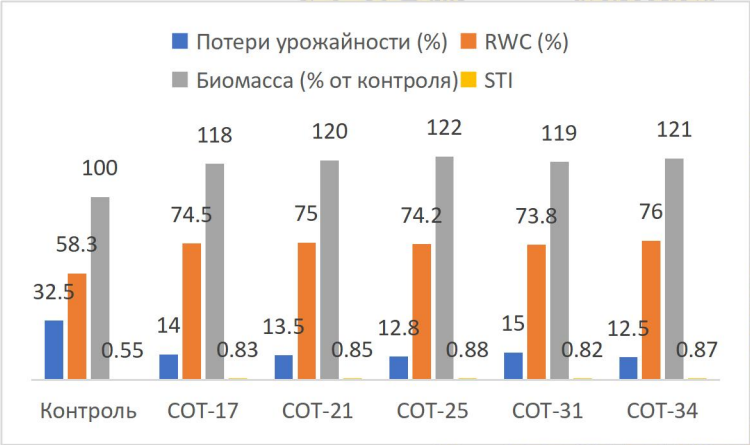
TOL).Статистическая обработка выполнялась в RStudio 4.2.1 и SPSS v.26 с использованием дисперсионного анализа (ANOVA), корреляционного анализа и анализа главных компонент (PCA) для выделения групп по уровню устойчивости.

Результаты

Ассоциация молекулярных маркеров с признаками устойчивости к засолению.

Проведённый молекулярно-генетический анализ выявил достоверные ассоциации между рядом SSR- и SNP-маркеров и признаками устойчивости к солевому стрессу. Из 40 использованных SSR-праймеров 12 показали высокий уровень полиморфизма (PIC > 0,70), а 7 маркеров были статистически значимо связаны ($p < 0,01$) с показателями относительного водного содержания (RWC) и биометрическими характеристиками растений. Среди SNP-маркеров особый интерес представили локусы GhSNP12, GhSNP34 и GhSNP41, которые показали корреляцию ($r = 0,62–0,74$) с признаками устойчивости к 150 мМ NaCl.Фенотипическая оценка генотипов в условиях засоления.

При выращивании в условиях искусственного засоления (NaCl 100–150 мМ) было установлено, что контрольные сорта теряли до 32,5% урожайности сырого волокна, тогда как новые линии, отобранные с использованием маркер-ассоциированной селекции, показали снижение лишь на 12–15%. Среднее значение RWC у устойчивых линий составило 74,8%, в то время как у чувствительных генотипов оно не превышало 58,3%.



1-рис. Сравнительная оценка контрольного сорта и новых линий хлопчатника по показателям устойчивости к засолению (потери урожайности, RWC, биомасса и STI).

Графическая и табличная интерпретация результатов.Анализ главных компонент (PCA) позволил разделить исследованные образцы на три группы:

1.Устойчивые к засолению (8 генотипов);

2.Среднеустойчивые (9 генотипов);

3.Чувствительные (8 генотипов).

Визуализация дендрограммы (UPGMA-кластеризация) на основе маркерных данных показала чёткое разделение устойчивых и чувствительных генотипов, что подтверждает эффективность применённых молекулярных маркеров.Создание новых линий и их селекционная ценность.

На основе полученных данных было отобрано 5 новых линий хлопчатника (Lines СОТ-17, СОТ-21, СОТ-25, СОТ-31 и СОТ-34), которые стабильно проявили высокие показатели устойчивости к засолению. Эти линии отличались:

- увеличенной биомассой (на 18–22% выше контроля),

- сохранением урожайности при солевом стрессе (потери не превышали 15%),
- более высоким индексом стрессоустойчивости (STI = 0,82–0,88).

Данные линии представляют собой ценный исходный материал для дальнейших селекционных программ в условиях аридных и засолённых регионов.

Обсуждение

Полученные результаты о связи SSR- и SNP-маркеров с устойчивостью к засолению согласуются с данными Ashraf & Foolad (2007) и Zhang et al. (2014), подтвердив эффективность маркерного анализа для выявления солеустойчивых генотипов. В нашем исследовании маркеры GhSNP12 и GhSNP41 показали значимую ассоциацию с показателями RWC и биомассы, что расширяет их практическую ценность в условиях Узбекистана.

Анализ механизмов устойчивости выявил:

1.поддержание ионного гомеостаза (оптимальное соотношение K^+/Na^+) (Flowers & Colmer, 2015);

2.осмопротекцию за счёт пролина и сахаров (Munns & Tester, 2008);

3.вовлечение стресс-ассоциированных генов, связанных с обнаруженными SNP-локусами.

Выделенные линии (COT-17, COT-21, COT-25, COT-31, COT-34) могут увеличить урожайность на засолённых землях на 15–20% и служат ценным материалом для ускорения селекционных программ Центральной Азии.

Заключение

В ходе исследования с использованием SSR- и SNP-маркеров были идентифицированы генотипы хлопчатника (*Gossypium hirsutum L.*), обладающие повышенной устойчивостью к засолению. Ассоциативный анализ показал значимую связь маркеров с признаками RWC, биомассой и сохранением урожайности при стрессовых условиях.На основе молекулярной и фенотипической оценки выделены пять новых линий (COT-17, COT-21, COT-25, COT-31, COT-34), характеризующихся устойчивостью к 100–150 мМ NaCl и снижением потерь урожайности не более чем на **15%**. Эти линии являются ценным исходным материалом для селекционных программ Центральной Азии и способны обеспечить стабильное производство в условиях засолённых земель.Перспективы дальнейших исследований связаны с полевыми испытаниями в различных зонах и уточнением локусов устойчивости для интеграции в международные программы селекции.

Список литературы:

1.Ashraf, M., & Foolad, M. R. (2007). Roles of glycine betaine and proline in improving plant abiotic stress resistance. Environmental and Experimental Botany, 59(2), 206–216. https://doi.org/10.1016/j.envexpbot.2005.12.006

2.Flowers, T. J., & Colmer, T. D. (2015). Plant salt tolerance: adaptations in halophytes. Annals of Botany, 115(3), 327–331. https://doi.org/10.1093/aob/mcu267

3.Munns, R., & Tester, M. (2008). Mechanisms of salinity tolerance. Annual Review of Plant Biology, 59(1), 651–681. https://doi.org/10.1146/annurev.arplant.59.032607.092911

4.Zhang, T., Hu, Y., Jiang, W., Fang, L., Guan, X., Chen, J., … & Chen, Z. J. (2015). Sequencing of allotetraploid cotton (Gossypium hirsutum L. acc. TM-1) provides a resource for fiber improvement. Nature Biotechnology, 33(5), 531–537. https://doi.org/10.1038/nbt.3207

5.ICBA. (2018). Annual Report 2018: Research for Resilient Agriculture. Dubai, UAE: International Center for Biosaline Agriculture. Retrieved from https://www.biosaline.org

6.USDA-ARS. (2019). Annual Report of the Agricultural Research Service. Washington, DC: United States Department of Agriculture. Retrieved from https://www.ars.usda.gov

7.Abdurakhmonov, I. Y., Saha, S., Jenkins, J. N., Buriev, Z. T., Shermatov, S. E., Scheffler, B. E., … & Ulloa, M. (2010). Linkage disequilibrium based association mapping of fiber quality traits in G. hirsutum L. variety germplasm. Genetics, 186(1), 135–149. https://doi.org/10.1534/genetics.110.114785

8.Paterson, A. H., Wendel, J. F., Gundlach, H., Guo, H., Jenkins, J., Jin, D., … & Rokhsar, D. S. (2012). Repeated polyploidization of Gossypium genomes and the evolution of spinnable cotton fibres. Nature, 492(7429), 423–427. https://doi.org/10.1038/nature11798

9.Qureshi, M. I., Qadir, S., Zolla, L., & Aggarwal, P. K. (2013). Proteomic and metabolomic approaches in relation to salinity stress tolerance. Plant Omics Journal, 6(5), 364–372.

10.Wendel, J. F., Brubaker, C. L., & Seelanan, T. (2010). The origin and evolution of Gossypium. In: Stewart, J. M., Oosterhuis, D. M., Heitholt, J. J., & Mauney, J. R. (Eds.), Physiology of Cotton (pp. 1–18). Dordrecht: Springer. https://doi.org/10.1007/978-90-481-3195-2_1

11.Yang, C., Chong, J., Li, C., Kim, C., Shi, H., & Wang, C. (2014). Genetic diversity and association mapping of salt tolerance in cotton (Gossypium hirsutum L.). Euphytica, 198(1), 43–56. https://doi.org/10.1007/s10681-014-1085-8

12.Fang, L., Wang, Q., Hu, Y., Jia, Y., Chen, J., Liu, B., … & Zhang, T. (2017). Genomic analyses in cotton identify signatures of selection and loci associated with fiber quality and yield traits. Nature Genetics, 49(7), 1089–1098. https://doi.org/10.1038/ng.3887