



PLANTAGO OVATA (FORSSK.)NING GENETIK XUSUSIYATLARI

Yuldasheva Nasiba Abdunazarovna¹, Maxkamov Trobjon Xusanboyevich²

O'ZMU “Botanika va genetika” kafedrası tayanch doktoranti¹

Yuldashevanasiba745@gmail.com

Toshkent davlat agrar universiteti professori, b.f.d.²

t_maxkamov@tdau.uz

<https://doi.org/10.5281/zenodo.15597252>

Annotatiya. Ushbu maqolada *Plantago ovata* Forssk.ning genetik xususiyatlari, kariotipi, xromosoma tuzilishi, genom hajmi hamda foydali belgilarni belgilovchi genlar haqida ma'lumotlar keltirilgan. O'simlik genetikasini chuqur o'rganish orqali yuqori hosilli, stress omillariga, qurg'oqchilik va sho'rlanishga chidamli navlarni yaratish imkoniyati mavjud. Bu esa farmatsevtika va oziq-ovqat sanoatida yuqori sifatli mahsulotlar olishda muhim ahamiyatga ega.

Kalit so'zlar: genom, genetik xilma-xillik, xromosoma, kariotip, genetik xarita.

Abstract. This article presents information on the genetic characteristics, karyotype, chromosome structure, genome size, and genes responsible for beneficial traits of *Plantago ovata* Forssk. A deep understanding of plant genetics makes it possible to develop high-yielding varieties that are resistant to stress factors such as drought and salinity. This is of great importance for producing high-quality products in the pharmaceutical and food industries.

Keywords: genome, genetic diversity, chromosome, karyotype, genetic map.

Аннотация. В данной статье представлена информация о генетических характеристиках, kariotипе, структуре хромосом, размере генома, а также о генах, определяющих полезные признаки *Plantago ovata* Forssk. Глубокое изучение генетики растения позволяет создавать высокоурожайные сорта, устойчивые к стрессовым факторам, засухе и засолению. Это имеет важное значение для получения высококачественной продукции в фармацевтической и пищевой промышленности.

Ключевые слова: геном, генетическое разнообразие, хромосома, kariotип, генетическая карта.

Kirish

Plantago ovata Forssk. (Isabgol yoki Ispaghula deb ham ataladi) Plantaginaceae oilasiga mansub bo'lib, bo'yi 14 sm gacha bo'lgan, ba'zan siyrak, ba'zan esa zich yumshoq tuklar bilan qoplangan, barglari rozet va chiziqlik shaklida bo'lib, hozirda bu dorivor o'simlik G'arbiy Osiyoda keng miqyosda yetishtirilishi kuzatilgan. *Plantago ovata* qurg'oqchil hududlar uchun muhim va tobora o'sib borayotgan sanoat hamda dorivor ekin sifatida butun dunyo bo'yicha tanilgan [1].

Kariotip indeksleri tahlili shuni ko'rsatadki, *Plantago ovata* namunalarining barchasida diploidlik ($2n = 8$) holati kuzatilgan. Tadqiqotlar natijasida ushbu turning xromosomalari kichik o'lchamli va morfologik jihatdan bir xil tuzilishga ega ekani aniqlangan. Karyotip tahlillari *Plantago ovata* ning genetik asoslari tor ekanligini ko'rsatib, bu holat past xromosoma soni, yuqori miqdordagi konstitutiv geteroxromatin, past chiazma chastotasi va kichik xromosoma o'lchami bilan izohlangan. *Plantago ovata* diploid xromosoma soni ($2n$) = 8 bo'lib, u juda kam xromosomal o'simliklar qatoriga kirishi ma'lum. Uning gametik (gaploid) xromosoma soni $n = 4$ ga teng bo'lib, kam xromosoma soniga ega bo'lishi bu turning genetik jihatdan o'rganilishini nisbatan sodda va samarali qiladi. Genom hajmi bo'yicha esa *Plantago ovata* ning yadro DNKsi taxminan 500–600 Mbp oraliqida baholangan. Bunday kichik genom hajmi struktural genlarning tahlilini o'tkazishda sezilarli qulaylik yaratishi aniqlangan [3].

Plantago ovata o'z-o'zini changlantiruvchi (self-pollinated) o'simlik. Bu xususiyat genetik jihatdan gomozigotlik darajasi yuqori bo'lishiga olib kelgan. Genetik xilma-xillik nisbatan past, lekin seleksiya ishlarida barqarorlik ta'minlashi o'rganilgan. Genetik xilma-xillik tabiiy populyatsiyalarda cheklangan, lekin Hind va Eron hududlarida ba'zi ekotiplar farq qilgan. Molekulyar markerlar (SSR,



RAPD, ISSR) yordamida ekotiplar o'rtasidagi farqlar o'rganilgan. *Plantago* turlarining genetik xilma-xilligi turli kasalliklarga chidamli qimmatli qo'shimchalar bo'lgan turli xil navlarni ko'paytirish uchun muhimligi aniqlangan [3, 4].

ISSR markerlari tabiiy populyatsiyalarning genetik xilma-xilligini baholashda keng va muvaffaqiyatli qo'llanilgan. ISSR markerlarining yuqori darajadagi polimorfizmi (o'zgaruvchanligi) sababli ishonchli va aniq natijalarga erishish uchun katta hajmdagi namunalar ustida ishlash va keng qamrovli statistik tahlil o'tkazish zarurati aniqlangan [2].

Herliana L va hammualliflar (2023) tomonidan olib borilgan tadqiqotlarda *Plantago ovata* genomida 5S, 18S va 25S sinflariga mansub bir nechta sitoplazmatik ribosomal RNK (rRNK) turlari annotatsiya qilingan. 5S rRNK ketma-ketliklari asosan 1-xromosomada joylashgan bo'lib, bu yerda 63 ta ketma-ketlik aniqlangan. 2-xromosomada 6 ta, 4-xromosomada 1 ta 5S ketma-ketlik mavjud bo'lsa, 3-xromosomada ular butunlay aniqlanmagan. Shuningdek, *Plantago ovata* genomida jami 328 ta uzun kodlamaydigan RNK (lncRNK) mavjudligi aniqlangan. Ularning xromosomalar bo'yicha taqsimoti quyidagicha taqsimlangan: 1-xromosomada 97 ta, 2-xromosomada 76 ta, 3-xromosomada 86 ta, 4-xromosomada 56 ta, joyi noma'lum bo'lgan ketma-ketliklarda esa 13 ta [5].

So'nggi yillarda transkriptomika, gen ifodalanishi, va metabolomika bo'yicha tadqiqotlar olib borilgan. Urug' po'stlog'ida mavjud psyllium tolasi (mukilloid) biosintezi genetik jihatdan o'rganilgan. Foydali xususiyatlar bilan bog'liq genlar: tolalarning zichligi, og'irligi, gel hosil qilish xususiyati, stressga chidamlilik (qurg'oqchilik, sho'rlanish) kabi belgilar [3].

Genetik tadqiqotlarning amaliy ahamiyati. *Plantago ovata* genetikasi quyidagilar uchun muhim: 1) yangi navlar yaratish (yuqori hosilli, tolasi ko'p bo'lgan), 2) qurg'oqchilikka, sho'rlanishga chidamli navlar yaratish, 3) dori sanoati ehtiyojlari uchun tolasi sifati yuqori bo'lgan navlar ishlab chiqish, 4) genetik markerlar asosida seleksiya jarayonlarini tezlashtirish (MAS — marker-assisted selection). Ko'plab tadqiqotchilar genetik xilma-xillikni tabiiy ekotizimlardagi ichki va tashqi populyatsiyalar doirasida gen fondini saqlab qolish maqsadida o'rganishgan [6].

Genetik xarita va genom tuzilishi. 2023-yilda *Plantago ovata* ning birinchi marta xromosoma darajasidagi referens genomi yaratilgan. Bu genom yig'ilishi PacBio va Hi-C texnologiyalari yordamida amalga oshirilgan bo'lib, umumiy hajmi taxminan 500 Mbp ni tashkil etadi. Yig'ilgan genomning 97% qismi to'rtta xromosomaga bog'langan bo'lib, bu o'simlikning diploid ($2n = 8$) xromosoma soniga mos keladi. Genomda 41,820 ta protein kodlovchi genlar, 411 ta no-kodlovchi RNK, 108 ta ribosomal RNK va 1,295 ta transfer RNK aniqlangan [3,6].

Molekulyar markerlar. *Plantago ovata* uchun mikrosatellit markerlar (SSR) tez va samarali tarzda ishlab chiqilgan. Bu markerlar, ayniqsa, seleksiya va genetik xilma-xillikni o'rganishda muhim ahamiyatga ega. Ion Torrent sekvenseridan foydalanilgan tadqiqotda, mikrosatellit boyitish va yuqori o'tkazuvchanlikdagi sekvenlash texnologiyalari yordamida yangi SSR markerlar ishlab chiqilgan. Shuningdek, RAPD markerlari asosida genetik bog'liqlik xaritasi ham yaratilgan bo'lib, bu xarita seleksiya jarayonlarini tezlashtirishda yordam berishini aniqlangan. Isabgoldan yuqori miqdordagi va sifatli DNKni ajratib olish va PCR reaksiyasi shartlarini optimallashtirish uchun DNK ekstraktsiya protokolini standartlashtirishda muvaffaqiyatli bo'lib, natijalar RAPD turli Isabgol genotiplarini tavsiflash va tasniflashning samarali usuli ekanligi aniqlangan [7].

Psyllium (mukilloid) biosintezi bilan bog'liq genlar. *Plantago ovata* urug' po'stlog'idagi mukilloid (psyllium) asosan arabinoksilan polisaxaridlaridan tashkil topgan. Bu polisaxaridlarning biosintezida quyidagi genlar muhim rol o'ynaydi: UDP-arabinopiranoza mutaza, UDP-ksiloziltransferaza 2, Ksilan glukuronoziltransferaza. Ushbu genlarning ifodalanishi urug' rivojlanishining 15-kunida 5–8 barobar oshishi kuzatilgan. [5].

Yuqoridagi genetik ma'lumotlar quyidagi sohalarida qo'llanilishi mumkinligi aniqlangan: 1) Seleksiya dasturlari: yuqori hosilli, mukilloid miqdori ko'p bo'lgan navlarni yaratish. 2) Stressga chidamlilik: qurg'oqchilik va sho'rlanishga chidamli navlarni ishlab chiqish. 3) Farmatsevtika va oziq-ovqat sanoati: mukilloid sifatini yaxshilash orqali mahsulot sifatini oshirish. *Plantago ovata* (Isabgol) ning kariotipi bu o'simlikning xromosoma tarkibi, soni va shakli haqidagi sitogenetik



ma'lumotni ifodalaydi. Bu ma'lumotlar genetik tadqiqotlar, navlar yaratish va evolyutsion aloqalarni o'rganishda muhim ahamiyatga egaligi o'rganilgan [6].

Plantago ovata karyotipi haqida asosiy ma'lumotlar

Xromosoma soni (2n)	8
Gametik xromosoma soni (n)	4
Ploidiya darajasi	Diploid ($2n = 2 \times = 8$)
Xromosoma shakli	Aksariyati metatsentrik va submetatsentrik
Xromosoma uzunligi	Taxminan 1.5–4.0 mikrometr
DNK miqdori (gaploid genom)	~0.69 pg (pikogram)

Plantago ovata o'simligining sitogenetik xususiyatlari uni genetik tadqiqotlar va seleksiya ishlari uchun qulay model sifatida baholash imkonini beradi. Xromosomalarning tuzilishi nisbatan sodda bo'lib, murakkab translokatsiya yoki inversiya holatlari juda kam kuzatilgan. Kariotipning yuqori darajadagi barqarorligi bu turning genetik holatini saqlab qolishda va yangi navlarni yaratishda sezilarli afzallik yaratgan. Barqaror kariotip seleksiya jarayonlarini soddalashtirib, ishonchli natijalarga erishish imkonini oshirishi aniqlangan [7].

Xulosa. *Plantago ovata* ning xromosoma sonining kamligi ($2n = 8$) uni ayrim genetik tadqiqotlar uchun model organizm sifatida ishlatishga qulaylik yaratadi. Past ploidiya darajasi genetik modifikatsiyalar va tahlil jarayonlarini soddalashtiradi hamda eksperimental yondashuvlarda yuqori aniqlikni ta'minlaydi. Kariotipning oddiy tuzilishi va morfologik jihatdan barqarorligi ushbu turning evolyutsion nuqtayi nazardan qadimiy va nisbatan o'zgarmagan genetik tuzilishga ega ekanligini ko'rsatadi. Bu holat *Plantago ovata* ni genetik, genomik va seleksiya tadqiqotlarida istiqbolli obyekt sifatida baholash imkonini beradi.

Foydalanilgan adabiyotlar

1. Mohsenzadeh, S., Sheidai, M., & Koohdar, F. (2019). Population genetic structure in *Plantago ovata* var. *decumbens* with using ISSR markers. *Genetika*, 51(2), 717-730.
2. Kovács, Z., Mlinarec, J., & Höhn, M. (2023). Living on the edge: morphological, karyological and genetic diversity studies of the Hungarian *Plantago maxima* populations and established ex situ collection. *Botanical Studies*, 64(1), 2.
3. Shahriari, Z., Heidari, B., Dadkhodaie, A., & Richards, C. M. (2018). Analysis of karyotype, chromosome characteristics, variation in mucilage content and grain yield traits in *Plantago ovata* and *P. psyllium* species. *Industrial Crops and Products*, 123, 676-686.
4. Asaf, S., Khan, A. L., Lubna, Khan, A., Khan, A., Khan, G., ... & Al-Harrasi, A. (2020). Expanded inverted repeat region with large scale inversion in the first complete plastid genome sequence of *Plantago ovata*. *Scientific reports*, 10(1), 3881.
5. Herliana, L., Schwerdt, J. G., Neumann, T. R., Severn-Ellis, A., Phan, J. L., Cowley, J. M., ... & Burton, R. A. (2023). A chromosome-level genome assembly of *Plantago ovata*. *Scientific Reports*, 13(1), 1528.
6. Kaswan, V., Joshi, A., & Maloo, S. R. (2012). Assessment of isozyme diversity in the Medicinal Plant Isabgol (*Plantago ovata* Forsk.). *Journal of Cell and Tissue Research*, 12(3), 3349.
7. Rohilla, A. K., Kumar, M., Sindhu, A., & Boora, K. S. (2012). Genetic diversity analysis of the medicinal herb *Plantago ovata* (Forsk.). *African Journal of Biotechnology*, 11(86), 15206-15213.