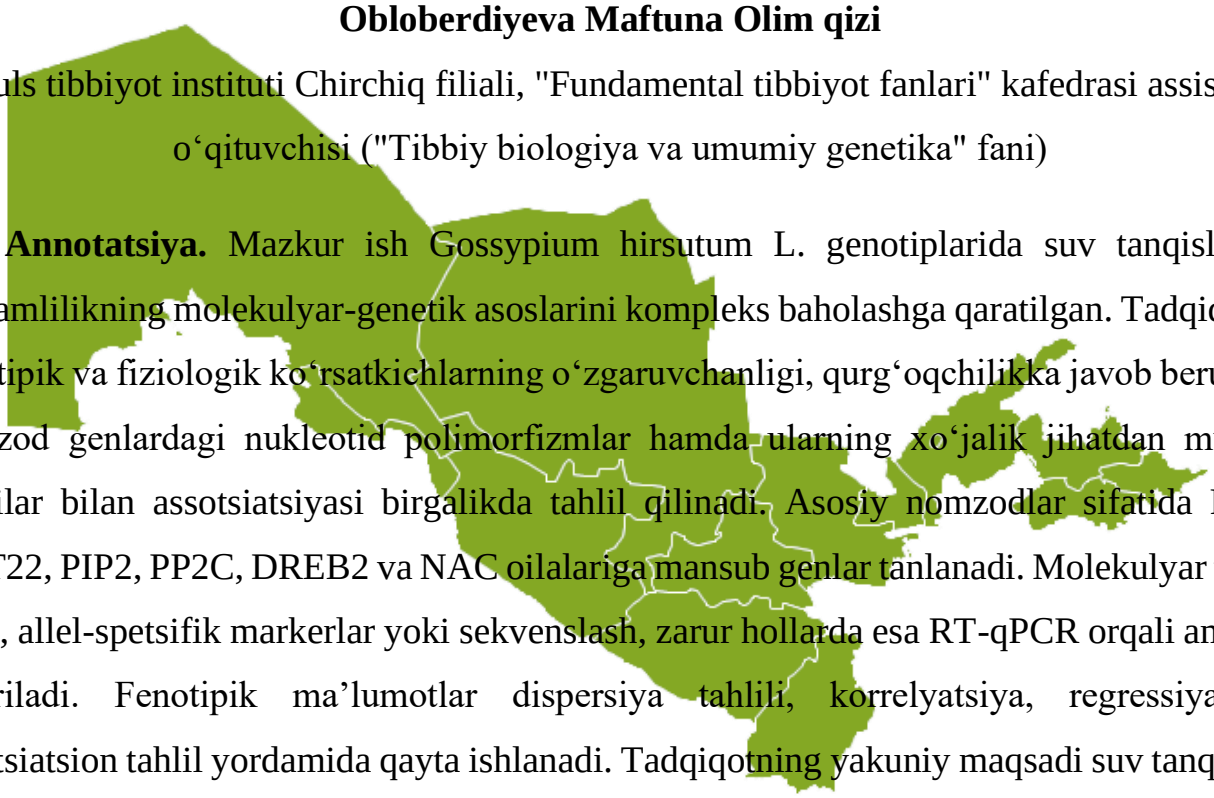
Qabul qilindi: 22-sentabr 2026-yil • Ma’qullandi: 26-sentabr 2026-yil • Nashr qilindi: 30-sentabr 2026-yil

G‘O‘ZADA SUV TANQISLIGIGA CHIDAMLILIK GENLARI POLIMORFIZMI VA QIMMATLI BELGILAR O‘ZGARUVCHANLIGINING MOLEKULYAR-GENETIK TAHLILI

Obloberdiyeva Maftuna Olim qizi

Impuls tibbiyot instituti Chirchiq filiali, "Fundamental tibbiyot fanlari" kafedrasi assistent-o‘qituvchisi ("Tibbiy biologiya va umumiy genetika" fani)



Annotatsiya. Mazkur ish Gossypium hirsutum L. genotiplarida suv tanqisligiga chidamlilikning molekulyar-genetik asoslarini kompleks baholashga qaratilgan. Tadqiqotda fenotipik va fiziologik ko‘rsatkichlarning o‘zgaruvchanligi, qurg‘oqchilikka javob beruvchi nomzod genlardagi nukleotid polimorfizmlar hamda ularning xo‘jalik jihatdan muhim belgilar bilan assotsiatsiyasi birgalikda tahlil qilinadi. Asosiy nomzodlar sifatida RD2, HAT22, PIP2, PP2C, DREB2 va NAC oilalariga mansub genlar tanlanadi. Molekulyar tahlil PCR, allel-spetsifik markerlar yoki sekvenslash, zarur hollarda esa RT-qPCR orqali amalga oshiriladi. Fenotipik ma’lumotlar dispersiya tahlili, korrelyatsiya, regressiya va assotsiatsion tahlil yordamida qayta ishlanadi. Tadqiqotning yakuniy maqsadi suv tanqisligi sharoitida barqarorlik ko‘rsatuvchi genotiplarni aniqlash, chidamlilik bilan bog‘liq allellarni ajratish va marker-assisted selection uchun istiqbolli molekulyar markerlarni asoslashdan iborat.

Kalit so‘zlar: Gossypium hirsutum L., g‘o‘za, suv tanqisligi, qurg‘oqchilik, SNP, InDel, polimorfizm, nomzod gen, RD2, HAT22, PIP2, PP2C, DREB2, NAC, RT-qPCR, GWAS, QTN, qimmatli xo‘jalik belgilari.

G‘o‘za suv ta’minotidagi cheklanishga sezgir bo‘lgan agroekotizimlarda yetishtiriladigan muhim texnik ekinlardan biridir. Suv tanqisligi ildiz orqali suv o‘zlashtirilishi, barglarning suv holati, fotosintetik jarayonlar, vegetativ o‘sish va reproduktiv rivojlanishga ta’sir etib, yakunda hosil va tola sifatining pasayishiga olib kelishi

mumkin. Qurg‘oqchilikka chidamlilik bitta gen bilan belgilanadigan oddiy belgi emas; u ko‘plab genlar, fiziologik mexanizmlar va muhit o‘zaro ta’sirining natijasidir.

G. hirsutum bo‘yicha GWAS tadqiqotlarida qurg‘oqchilik bilan bog‘liq belgilar uchun minglab SNP markerlardan foydalanilgan. 319 ta upland cotton namunasi va 55 060 ta SNP asosida o‘tkazilgan tadqiqotda 20 ta muhim QTN 16 ta xromosomada aniqlangan; 1 326 ta yaqin gen orasidan 205 tasi qurg‘oqchilikdan keyin induksiya qilingan va RD2, HAT22, PIP2 hamda PP2C nomzod genlar sifatida ajratilgan. Bu natijalar qurg‘oqchilikka chidamlilikning murakkab, poligen tabiatini ko‘rsatadi. Boshqa tadqiqotda 188 ta G. hirsutum genotipi 51 268 ta yuqori sifatli SNP bilan genotiplanib, turli muhitlardagi sakkizta qurg‘oqchilikka aloqador belgi baholangan. Kamida ikki muhit yoki ikki modelda takrorlangan 36 ta SNP aniqlangan va ularning atrofidagi 520 ta gen orasidan Gh_D08G2462, Gh_A03G0043 va Gh_A12G0369 istiqbolli nomzodlar sifatida ko‘rsatilgan. Shunday ekan, fenotipik baholashni molekulyar markerlar bilan birlashtirish seleksiya uchun biologik jihatdan asoslangan yondashuvdir. Gossypium hirsutum L. genotiplarida suv tanqisligiga chidamlilik bilan bog‘liq nomzod genlarning nukleotid polimorfizmlarini aniqlash, ushbu polimorfizmlarning fiziologik va xo‘jalik belgilarining o‘zgaruvchanligi bilan assotsiatsiyasini baholash hamda istiqbolli molekulyar markerlarni ajratish.

1. G. hirsutum L. genotiplarining suv tanqisligiga javobini nazorat va stress sharoitlarida baholash.

2. O‘simlik bo‘yi, barg maydoni, ildiz uzunligi, ildiz va yer ustki biomassasi, bargning nisbiy suv miqdori, xlorofill miqdori, ko‘saklar soni, ko‘sak massasi, chigit va tola hosildorligi kabi belgilarni qayd etish.

3. Fenotipik belgilar bo‘yicha genotip × muhit o‘zaro ta’sirini baholash.

4. RD2, HAT22, PIP2, PP2C hamda DREB2 va NAC oilalariga mansub tanlangan genlarning informatsion polimorf hududlarini aniqlash.

5. Genom DNKsini ajratish, PCR amplifikatsiyasi va ampliconlarni sekvenslash yoki validatsiyalangan molekulyar markerlar yordamida allellarni aniqlash.

6. SNP va InDel variantlarini aniqlash, allel va genotip chastotalarini hisoblash hamda

polimorfizm ko‘rsatkichlarini baholash.

7. Qurg‘oqchilik stressi ostida nomzod genlar ekspressiyasini RT-qPCR orqali tekshirish.

8. Genotip–allel–ekspressiya–fenotip o‘rtasidagi bog‘liqlikni statistik jihatdan aniqlash.

9. Chidamlilik bilan bog‘liq istiqbolli markerlarni marker-assisted selection uchun tavsiya etish mezonlarini ishlab chiqish.

Tadqiqot obyekti sifatida G. hirsutum L. ning genetik jihatdan farqlanuvchi nav, liniya yoki genotiplari olinadi. Namuna tarkibi tadqiqot maqsadiga muvofiq kamida 30–50 genotipdan boshlanishi, imkoniyat mavjud bo‘lsa 100 va undan ortiq genotip bilan kengaytirilishi maqsadga muvofiq.

Tadqiqot predmeti — suv tanqisligi sharoitida namoyon bo‘ladigan fenotipik va fiziologik o‘zgarishlar, nomzod genlardagi SNP/InDel polimorfizmlar, gen ekspressiyasi va qimmatli xo‘jalik belgilarining o‘zaro bog‘liqligi. Tajriba nazorat va suv tanqisligi variantlarini o‘z ichiga oladi. Har bir genotip uchun kamida uchta biologik takror tashkil etiladi. Tajriba laboratoriya, issiqxona yoki dala sharoitida o‘tkazilishi mumkin. Stress rejimi tadqiqot imkoniyatiga qarab tuproq namligini dala nam sig‘imining oldindan belgilangan ulushigacha kamaytirish orqali standartlashtiriladi. Muhimi, barcha genotiplar uchun stress boshlanish va davomiyligi bir xil bo‘lishi kerak.

Biologik material sifatida yosh barglardan DNK, stressning belgilangan bosqichlarida esa RNK ajratish uchun barg yoki boshqa standartlashtirilgan to‘qima olinadi. Namuna olish va saqlash bosqichlari RNK degradatsiyasini kamaytiradigan sharoitda bajariladi.

1. Genom DNKsini ajratish va sifat nazorati

Genom DNKsi CTAB asosidagi protokol yoki tijoriy o‘simlik DNK ajratish to‘plami yordamida olinadi. DNK konsentratsiyasi spektrofotometrik yoki fluorometrik usulda aniqlanadi. A260/A280 nisbati va elektroforetik yaxlitlik keyingi PCR uchun sifat nazorati sifatida qo‘llanadi.

2. PCR va polimorfizmni aniqlash

Tanlangan genlarning kodlovchi yoki regulyator hududlari uchun primerlar G. hirsutum genom ketma-ketligi asosida ishlab chiqiladi. PCR mahsulotlari agaroz gel elektroforezi orqali tekshiriladi. Polimorfizmni aniq aniqlash uchun ampliconlar Sanger sekvenslash orqali o‘qilishi yoki validatsiyalangan SNP/KASP/allele-specific PCR markerlari qo‘llanishi mumkin. Sekvens ma’lumotlarida nukleotid almashinuvi va InDel variantlari aniqlanib, allel chastotalari hisoblanadi.

3. Gen ekspressiyasini RT-qPCR orqali baholash

Stress va nazorat variantlaridan RNK ajratilib, cDNA sintez qilinadi. RT-qPCR uchun gen-spetsifik primerlar ishlatiladi. Referens genlar eksperiment uchun barqarorligi alohida tekshirilgandan keyin tanlanadi. Nisbiy ekspressiya ΔΔCt usuli bilan hisoblanadi: ΔCt = Ct(target) − Ct(reference); ΔΔCt = ΔCt(stress) − ΔCt(control); nisbiy ekspressiya = 2^−ΔΔCt. Har bir biologik namuna uchun texnik takrorlar kiritilishi va no-template control ishlatilishi tavsiya etiladi

Suv tanqisligiga javobni kompleks ifodalash uchun birgina hosil ko‘rsatkichiga tayanish yetarli emas. Shu sababli bargning nisbiy suv miqdori (RWC), xlorofill ko‘rsatkichi, barg maydoni, ildiz/yer ustki biomassa nisbati, barg so‘lish darajasi, ko‘saklar soni, ko‘sak massasi, chigit hosildorligi va tola ko‘rsatkichlari parallel baholanadi.

RWC odatda yangi massa, turgor holatidagi massa va quruq massa asosida quyidagicha hisoblanadi: RWC (%) = [(FM − DM)/(TM − DM)] × 100, bunda FM — yangi massa, TM — to‘liq turgor holatidagi massa, DM — quruq massa. Ushbu ko‘rsatkich genotiplarning suvni saqlash qobiliyatini solishtirishda yordamchi mezon sifatida qo‘llanadi.

8. Statistik tahlil

Dastlab ma’lumotlarning normal taqsimlanishi, dispersiyalarning bir xilligi va chet qiymatlar tekshiriladi. Genotip, suv rejimi va ularning o‘zaro ta’siri ikki yoki ko‘p omilli ANOVA yordamida baholanadi. Zarur holatda o‘rtacha qiymatlar Tukey HSD kabi post-hoc testi bilan solishtiriladi. Genetik marker va fenotip o‘rtasidagi bog‘liqlikni baholashda populyatsiya strukturasi va qarindoshlikni hisobga oluvchi assotsiatsion model qo‘llanadi.

GWAS uchun PCA va kinship matritsasini modelga kiritish soxta assotsiatsiyalarni kamaytirishga xizmat qiladi. SNP ma’lumotlari uchun MAF va genotiplash sifati bo‘yicha filtrlash oldindan belgilanadi. Ko‘p martalik testlar uchun FDR yoki Bonferroni tuzatishi qo‘llanishi mumkin.

G‘o‘zada suv tanqisligiga chidamlilik murakkab genetik va fiziologik xususiyat bo‘lib, uni baholashda fenotipik ko‘rsatkichlarni molekulyar markerlar va gen ekspressiyasi bilan birlashtirish muhimdir. Mavjud GWAS tadqiqotlari G. hirsutum L. genomida qurg‘oqchilik bilan bog‘liq ko‘plab SNP lokuslar mavjudligini va RD2, HAT22, PIP2, PP2C kabi genlar istiqbolli nomzod sifatida ko‘rilganini ko‘rsatadi. Mazkur yondashuvni mahalliy seleksiya materiallarida qo‘llash orqali suv tanqisligi sharoitida barqaror genotiplarni molekulyar asosda ajratish va seleksiya samaradorligini oshirish uchun ilmiy asos yaratish mumkin.

DNK markerlari bo‘yicha qayd etiladigan ko‘rsatkichlar

Ko‘rsatkich	Mazmuni	Natija
Genotip	AA/AB/BB yoki aniqlangan allellar	Genotip chastotasi
Allel	A/B kabi allellar	Allel chastotasi (%)
MAF	Minor allel chastotasi	0–0,5
Polimorfizm	SNP yoki InDel	Pozitsiya va allel
Assotsiatsiya	Marker–belgi bog‘liqligi	P-value, effekt, R^2
Populyatsiya strukturasi	Genetik guruhlanish	PCA/kinship

Statistik tahlil sxemasi

Tahlil	Ma’lumot	Natija	Maqsad
ANOVA	Genotip × suv rejimi	F, P	Omillar ta’siri
Tukey HSD	O‘rtacha qiymatlar	Guruhlar farqi	Juft taqqoslash
Korrelyatsiya	Fenotipik belgilar	r, P	Bog‘liqlik
Regressiya	Marker/ekspressiya va belgi	β, R^2, P	Ta’sirni baholash
Assotsiatsion tahlil	SNP + fenotip	P, effekt	Marker–belgi bog‘liqligi
FDR/Bonferroni	Ko‘p testlar	Tuzatilgan P	Soxta musbatlarni kamaytirish

FOYDALANILGAN ADABIYOTLAR RO‘YXATI

1. Abdelraheem A., et al. Genome-Wide Association Studies Reveal Genetic Variation and Candidate Genes of Drought Stress Related Traits in Cotton (Gossypium hirsutum L.). Frontiers in Plant Science, 2018, 9:1276. DOI: 10.3389/fpls.2018.01276.

2. Genome-Wide Dissection of the Genetic Basis for Drought Tolerance in Gossypium

hirsutum L. Races. Frontiers in Plant Science, 2022, 13:876095. DOI: 10.3389/fpls.2022.876095.

3. Phenomics-based GWAS analysis reveals the genetic architecture for drought resistance in cotton. Theoretical and Applied Genetics, 2020.

4. Regulatory Network of Cotton Genes in Response to Salt, Drought and Wilt Diseases (Verticillium and Fusarium): Progress and Perspective. Frontiers in Plant Science, 2021.

5. Transcriptome Meta-Analysis Associated Targeting Hub Genes and Pathways of Drought and Salt Stress Responses in Cotton (Gossypium hirsutum): A Network Biology Approach. Frontiers in Plant Science, 2022.

6. Zhang T., et al. Sequencing of allotetraploid cotton (Gossypium hirsutum L. acc. TM-1) provides a resource for fiber improvement. Nature Biotechnology, 2015, 33:531–537.

7. Livak K.J., Schmittgen T.D. Analysis of Relative Gene Expression Data Using Real-Time Quantitative PCR and the 2−ΔΔCT Method. Methods, 2001, 25:402–408.

