Qabul qilindi: 24-oktabr 2026-yil • Ma’qullandi: 28-oktabr 2026-yil • Nashr qilindi: 05-noyabr 2026-yil

NO‘XAT (CICER ARIETINUM L.) EKININING QURG‘OQCHILIKKA CHIDAMLILIGINI OSHIRISHDA MOLEKULYAR-GENETIK VA BIOINFORMATIK YONDASHUVLARNING AHAMIYATI.

ABDULHAMITOVA NIGINA ILHOMJON QIZI

Turon davlat universiteti Andijon filiali, Biologiya ta’lim yo‘nalishi talabasi

ASHUROV QODIRJON KOMILJONOVICH

Turon davlat universiteti Andijon filiali, biologiya fanlari falsafa doktori (PhD), katta o‘qituvchi

Annotatsiya. Maqolada no‘xat (Cicer arietinum L.) ekinining qurg‘oqchilik stressiga javob reaksiyalari va chidamlilikni shakllantiruvchi molekulyar-genetik mexanizmlar ilmiy adabiyotlar asosida tahlil qilinadi. Qurg‘oqchilik sharoitida ildiz tizimi, nisbiy suv miqdori, membrana barqarorligi, fotosintez va hosildorlik kabi belgilar o‘zaro bog‘liq holda o‘zgaradi. Ushbu belgilar poligen xarakterga ega bo‘lgani sababli ularni baholashda QTL xaritalash, SNP markerlari, genom bo‘ylab assotsiatsion tahlil (GWAS), markerga asoslangan seleksiya va bioinformatik yondashuvlar muhim o‘rin tutadi. No‘xatning qurg‘oqchilikka chidamli navlarini yaratish suv resurslaridan samarali foydalanish, hosil barqarorligini ta’minlash va yashil iqtisodiyot tamoyillarini qo‘llab-quvvatlashga xizmat qilishi mumkin. Ish tahliliy xarakterga ega; unda mualliflar tomonidan yangi laboratoriya yoki dala tajribasi bajarilgani haqida da’vo qilinmaydi.

Kalit so‘zlar: no‘xat, Cicer arietinum L., qurg‘oqchilik, molekulyar genetika, QTL, SNP, GWAS, bioinformatika, markerga asoslangan seleksiya, barqaror qishloq xo‘jaligi.

Аннотация. В статье на основе научной литературы рассматриваются физиологические и молекулярно-генетические механизмы устойчивости нута (Cicer arietinum L.) к засухе. Устойчивость является сложным количественным признаком, связанным с развитием корневой системы, относительным содержанием воды, стабильностью мембран и урожайностью. Обсуждаются возможности картирования

QTL, SNP-маркеров, GWAS и биоинформатического анализа для выявления геномных регионов и генов-кандидатов, связанных с засухоустойчивостью. Использование этих подходов в селекции может способствовать созданию стабильных сортов и рациональному использованию водных ресурсов. Работа носит аналитический характер; новые лабораторные и полевые эксперименты авторами не заявляются.

Ключевые слова: нут, Cicer arietinum L., засуха, молекулярная генетика, QTL, SNP, GWAS, биоинформатика, маркерная селекция, устойчивое сельское хозяйство.

Abstract. This paper reviews the physiological and molecular-genetic mechanisms underlying drought tolerance in chickpea (Cicer arietinum L.) based on published scientific literature. Drought tolerance is a complex quantitative trait associated with root architecture, relative water content, membrane stability and yield performance. The potential of QTL mapping, SNP markers, genome-wide association studies (GWAS) and bioinformatic analyses for identifying genomic regions and candidate genes is discussed. Integrating these approaches into breeding programs may support the development of resilient cultivars and more efficient use of water resources. This is a literature-based analytical study; no new laboratory or field experiments are claimed.

Keywords: chickpea, Cicer arietinum L., drought, molecular genetics, QTL, SNP, GWAS, bioinformatics, marker-assisted selection, sustainable agriculture.

Kirish

Iqlim o‘zgarishi sharoitida yog‘ingarchilikning notekis taqsimlanishi va vegetatsiya davrida suv tanqisligining kuchayishi qishloq xo‘jaligi ekinlari hosildorligiga salbiy ta’sir ko‘rsatmoqda. Ayniqsa, lalmikor va yarim qurg‘oqchil hududlarda suvdan samarali foydalanadigan, stress sharoitida ham hosil bera oladigan navlarni yaratish dolzarb vazifalardan biridir. Dukkakli ekinlar orasida no‘xat oqsilga boy doni, oziq-ovqat va yem-xashakdagi ahamiyati, shuningdek almashlab ekishda tuproq unumdorligiga ijobiy ta’siri bilan ajralib turadi. Shu sababli no‘xatning qurg‘oqchilikka chidamliligini oshirish oziq-ovqat xavfsizligi va ekologik barqarorlik bilan bevosita bog‘liq.

No‘xat qurg‘oqchilikka javob berishda qochish (erta pishish), stressdan qochib o‘tish

(suvni chuqurroq ildizlar orqali o‘zlashtirish) va fiziologik chidamlilik kabi strategiyalardan foydalanadi. Biroq bu xususiyatlar bitta gen bilan belgilanmaydi: ular ko‘plab genlar, fiziologik jarayonlar va tashqi muhit omillarining o‘zaro ta’siri natijasida namoyon bo‘ladi. Shu bois an’anaviy seleksiyani molekulyar markerlar va genomik ma’lumotlar bilan to‘ldirish seleksiya jarayonini tezlashtirishi mumkin.

Tadqiqotning maqsadi va vazifalari

Tadqiqotning maqsadi - no‘xatning qurg‘oqchilikka chidamliligini belgilovchi muhim morfofiziologik va molekulyar-genetik omillarni ilmiy manbalar asosida umumlashtirish hamda bioinformatik yondashuvlarning seleksiyadagi amaliy ahamiyatini yoritish.

Maqsadga erishish uchun quyidagi vazifalar belgilandi: no‘xatning qurg‘oqchilikka javob berish mexanizmlarini tavsiflash; chidamlilik bilan bog‘liq asosiy fenotipik belgilarni ajratish; QTL, SNP va GWAS yondashuvlarining imkoniyatlarini ko‘rib chiqish; nomzod genlar va bioinformatik tahlilning seleksiyadagi o‘rnini baholash; suv resurslari cheklangan sharoitda barqaror navlar yaratish istiqbollarini asoslash.

Tadqiqot materiallari va usullari

Mazkur ish ilmiy adabiyotlarning tahlili va qiyosiy umumlashtirish usuliga asoslangan. 2022–2025-yillarda chop etilgan no‘xat genetikasi, qurg‘oqchilikka chidamlilik, QTL xaritalash va molekulyar seleksiya bo‘yicha maqolalar, shuningdek O‘zbekistonda lalmi maydonlar uchun no‘xat navlarini yaratishga oid ilmiy ma’lumotlar ko‘rib chiqildi. Manbalarni tanlashda tadqiqot obyekti, qo‘llanilgan genotiplash usuli, o‘rganilgan belgilar, aniqlangan genomik hududlar va mualliflar xulosalariga e’tibor qaratildi.

Bioinformatik yondashuv sifatida genomik markerlar va QTL ma’lumotlarini taqqoslash, nomzod genlar joylashuvini aniqlash, gen ekspressiyasi haqidagi ochiq ma’lumotlarni tahlil qilish hamda biologik yo‘llarni funksional izohlash imkoniyatlari baholandi. Bunday tahlillar uchun NCBI, Ensembl Plants, Legume Information System va ilmiy maqolalarning qo‘shimcha ma’lumotlaridan foydalanish mumkin. Ushbu tezisda yangi genotiplash, PCR, dala tajribasi yoki statistik tajriba natijalari keltirilmagan; natijalar chop etilgan tadqiqotlarning tahliliga asoslanadi.

Natijalar va muhokama

No‘xatning qurg‘oqchilikka chidamliligini baholashda nisbiy suv miqdori, barg harorati, xlorofill holati, membrana barqarorligi, ildiz uzunligi va arxitekturasi, gullash hamda pishish muddati, don vazni va stress sharoitidagi hosildorlik muhim belgilar hisoblanadi. Bu ko‘rsatkichlar bir-birini to‘ldiradi: masalan, chuqur va yaxshi rivojlangan ildiz tizimi tuproqning quyi qatlamlaridagi namlikdan foydalanishga yordam beradi, bargdagi suv holatining saqlanishi esa fotosintez jarayonining davom etishiga ko‘maklashadi. Shuning uchun faqat bitta belgiga asoslangan tanlov chidamlilikni to‘liq aks ettirmasligi mumkin.

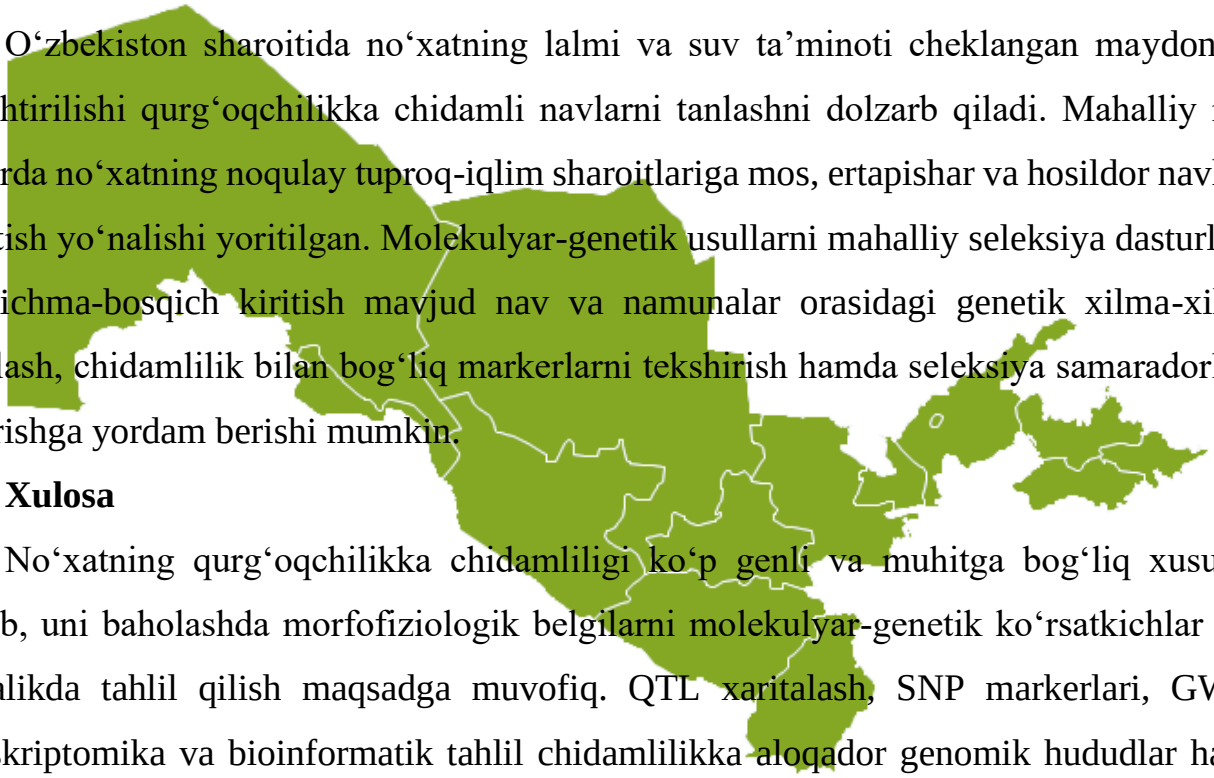
Kushwah va hammualliflar (2022) no‘xatda qurg‘oqchilikka chidamlilik murakkab miqdoriy belgi ekanini va ildiz bilan bog‘liq belgilarni ham hisobga olgan holda QTL hududlarini aniqlash genomik seleksiya uchun foydali bo‘lishini ko‘rsatgan. Ularning tadqiqotida morfofiziologik va ildiz belgilariga aloqador bir nechta QTL hamda konsensus genomik hududlar aniqlangan. Bu natijalar chidamlilikni baholashda yer ustki organlari bilan birga ildiz tizimi xususiyatlarini ham o‘rganish zarurligini ko‘rsatadi.

Yadava va hammualliflar (2023) genotiplash-by-sequencing (GBS) texnologiyasi yordamida no‘xatning qurg‘oqchilikka chidamliligi bilan bog‘liq SNP markerlarini aniqlagan. Tadqiqotda nisbiy suv miqdori, membrana barqarorligi, urug‘ vazni va qurg‘oqchilikdagi hosildorlik kabi belgilar bilan bog‘liq QTL hududlari topilgan. Ayrim genomik hududlarda nomzod genlar aniqlanib, transkriptom ma’lumotlari orqali qurg‘oqchilik ta’sirida differensial ekspressiyalanuvchi genlar ajratilgan. Bu yondashuv fenotipik kuzatuvni genomik ma’lumot bilan bog‘lash imkonini beradi.

Panigrahi va hammualliflarning (2024) meta-QTL tahlilida no‘xatning turli abiotik stresslarga chidamliligi bo‘yicha avvalgi tadqiqotlardan olingan 1512 ta QTL ma’lumoti jamlangan, ulardan 1189 tasi umumiy genetik xaritaga joylashtirilgan. Tahlil natijasida 59 ta meta-QTL ajratilgan. Mualliflar ayrim genomik hududlarda issiqlik-shok oqsillari hamda o‘sish va gormon signallariga aloqador nomzod genlar mavjudligini qayd etgan. Meta-tahlil turli tajribalarda topilgan genomik signallarni birlashtirish orqali ishonchliroq markerlarni tanlashga yordam beradi.

Molekulyar markerlardan foydalanish seleksiyada kerakli allellarni erta bosqichda aniqlash imkonini beradi. Markerga asoslangan seleksiya (MAS) orqali chidamlilik bilan bog‘liq genomik hududlar istiqbolli navlarga o‘tkazilishi mumkin. Genomik seleksiya esa ko‘plab markerlarning umumiy ta’sirini hisobga olib, murakkab belgilar bo‘yicha seleksion qiymatni bashorat qilishga xizmat qiladi. Biroq markerlarning samaradorligi genotiplar to‘plami, muhit va belgining irsiylanish xususiyatlariga bog‘liq; shu sababli ularni mahalliy sharoitda tekshirish zarur.

O‘zbekiston sharoitida no‘xatning lalmi va suv ta’minoti cheklangan maydonlarda yetishtirilishi qurg‘oqchilikka chidamli navlarni tanlashni dolzarb qiladi. Mahalliy ilmiy ishlarda no‘xatning noqulay tuproq-iqlim sharoitlariga mos, ertapishar va hosildor navlarini yaratish yo‘nalishi yoritilgan. Molekulyar-genetik usullarni mahalliy seleksiya dasturlariga bosqichma-bosqich kiritish mavjud nav va namunalar orasidagi genetik xilma-xillikni aniqlash, chidamlilik bilan bog‘liq markerlarni tekshirish hamda seleksiya samaradorligini oshirishga yordam berishi mumkin.



Xulosa

No‘xatning qurg‘oqchilikka chidamliligi ko‘p genli va muhitga bog‘liq xususiyat bo‘lib, uni baholashda morfofiziologik belgilarni molekulyar-genetik ko‘rsatkichlar bilan birgalikda tahlil qilish maqsadga muvofiq. QTL xaritalash, SNP markerlari, GWAS, transkriptomika va bioinformatik tahlil chidamlilikka aloqador genomik hududlar hamda nomzod genlarni aniqlash imkonini beradi. Ushbu yondashuvlar an’anaviy seleksiya bilan uyg‘unlashtirilganda qurg‘oqchilik sharoitida hosil barqarorligini saqlaydigan no‘xat navlarini yaratish jarayonini jadallashtirishi mumkin.

O‘zbekiston sharoitida kelgusida mahalliy no‘xat navlari va seleksion namunalarini qurg‘oqchilikka chidamlilik belgilari bo‘yicha baholash, tanlangan genotiplarda molekulyar markerlarni tekshirish va natijalarni dala sharoitida tasdiqlash tavsiya etiladi. Bunday izlanishlar suv resurslaridan oqilona foydalanish, oziq-ovqat xavfsizligi va yashil iqtisodiyot maqsadlariga xizmat qilishi mumkin.

Foydalanilgan adabiyotlar

1. Kushwah A., Bhatia D., Barmukh R. et al. Genetic mapping of QTLs for drought

tolerance in chickpea (Cicer arietinum L.). Frontiers in Genetics. 2022;13:953898. https://doi.org/10.3389/fgene.2022.953898.

2. Asati R., Tripathi M.K., Tiwari S. et al. Molecular Breeding and Drought Tolerance in Chickpea. Life. 2022;12(11):1846. https://doi.org/10.3390/life12111846.

3. Yadava Y.K., Chaudhary P., Yadav S. et al. Genetic mapping of quantitative trait loci associated with drought tolerance in chickpea (Cicer arietinum L.). Scientific Reports. 2023;13:17623. https://doi.org/10.1038/s41598-023-44990-y.

4. Panigrahi S., Kumar U., Swami S. et al. Meta QTL analysis for dissecting abiotic stress tolerance in chickpea. BMC Genomics. 2024;25:439. https://doi.org/10.1186/s12864-024-10336-9.

5. Haydarov B.D., Nahalboev J.T., Umirzokov A.X. New Varieties of Chickpea in Rainfed Fields. American Journal of Agriculture and Horticulture Innovations. 2025;5(4):21–25. https://doi.org/10.37547/ajahi/Volume05Issue04-06.

