

**TURLARARO DURAGAYLASH ASOSIDA OLINGAN SINTETIK POLIPILOID
SHAKLLARNING XO‘JALIK-QIMMATLI BELGILARI VA GENOMIK
O‘ZGARISHLARINI SELEKSIYADA BAHOLASH**

Umarov Ramziddin Fazliddin o‘g‘li

Qudratova Muxlisa Qurbon qizi

Toshkent Davlat Tibbiyot Universiteti.

e-mail: ramziddinumarov96@gmail.com

<https://doi.org/10.5281/zenodo.23221221>

Abstract. Maqolada *G. herbaceum* × *G. mustelinum* amfidiploidlarining ikkinchi avlodida (F_2C) xo‘jalik-qimmatli belgilari (tola uzunligi, mustahkamligi, vegetatsiya davri) irsiylanishi hamda SSR markerlar yordamida polimorfizm darajasi baholangan. Tadqiqotda F_2C avlodda tola uzunligi bo‘yicha transgressiv shakllar aniqlanib, 35.1–37.0 mm va 39.1–41.0 mm gacha bo‘lgan uzun tola ko‘rsatkichlariga ega o‘simliklar ajratib olindi. Jami 72 ta SSR marker yordamida o‘tkazilgan tahlillarda 57 ta marker polimorf deb topildi. Alloheksaploid duragaylarda ota-ona shakllariga xos ayrim allellarning yo‘qolishi (20-23 ta) va yangi nodir allellarning (7-8 ta) paydo bo‘lishi kabi genomik o‘zgarishlar tasdiqlandi. Filogenetik tahlillar sintez qilingan duragaylarning ona shakliga nisbatan ko‘proq *G. mustelinum* turiga yaqinligini ko‘rsatdi.

Kalit so‘zlar: Seleksiya, tola uzunligi, transgressiya, SSR marker, genomik o‘zgarish, filogeniya, *G. mustelinum*.

Kirish

G‘o‘za seleksiyasida jahon bozorining asosiy talabi tola sifati, xususan, tolaning shtapel uzunligi va pishiqligini oshirish, shu bilan birga navlarning tezpisharligini ta‘minlashdan iboratdir.

Madaniy allotetraploid *G. hirsutum* navlarining genofondi tor bo‘lganligi bois, bu ko‘rsatkichlarni keskin sakrash bilan yaxshilash qiyin kechmoqda. Yovvoyi allotetraploid *G. mustelinum* o‘zining yumshoq va uzun tolasi hamda o‘ziga xos tola pishiqligi genlari bilan ajralib turadi. Sintetik poliploidlar yaratish orqali mazkur yovvoyi turning qimmatli allellarini amaliy seleksiyaga kiritish (introgressiya) hamda molekulyar markerlar (MAS) yordamida nazorat qilish bugungi g‘o‘za genetikasining dolzarb vazifalaridandir.

Adabiyotlar sharhi

Ko‘plab tadqiqotlar g‘o‘za duragaylarida uzoq turlarni chatishtirganda birinchi va ikkinchi avlodlarda belgilarning keng miqyosda ajralishini ko‘rsatadi. *G. mustelinum* ishtirokidagi duragaylarda tola pishiqligi va ingichkaligini belgilovchi 42 tagacha barqaror QTL lokuslari borligi aniqlangan. Sun‘iy poliploidizatsiya jarayonida genom o‘lchami o‘zgarganda hujayrada DNK darajasida restrukturizatsiya, ayrim fragmentlarning deletsiyasi yoki yangi mutatsion allellarning paydo bo‘lishi (genomik o‘zgarishlar) kuzatiladi. SSR (oddiy ketma-ketlik takrorlari) markerlari g‘o‘za filogeniyasini va xromosoma o‘zgarishlarini aniqlashda eng ishonchli va yuqori polimorfizm namoyon etuvchi vosita hisoblanadi.

Material va metodlar

Tadqiqot materiali sifatida *G. herbaceum* subsp. *frutescens* × *G. mustelinum* kombinatsiyasidan olingan F_1C va ulardan yetishtirilgan F_2C amfidiploid duragay oilalari xizmat qildi.

O'simliklarning vegetatsiya davri, bir tupdagi ko'saklar soni, tola uzunligi (mm) va tola mustahkamligi (cN/tex) dala va laboratoriya sharoitida to'liq o'lchandi. Yosh barg to'qimalaridan DNK ajratish klassik CTAB usulida amalga oshirildi. DNK konsentratsiyasi NanoDrop spektrofotometrida tekshirildi. Marker tahlillari uchun CottonGen ma'lumotlar bazasidan olingan 72 ta SSR marker ishlatildi. Filogenetik daraxt sxemasi NCSS 12 hamda PAUP 4.0 dasturlari yordamida qurildi.

Natijalar

F₂C avlod duragaylarining xo'jalik belgilari o'rganilganda, ularda kuchli rekombinatsiya va o'zgaruvchanlik kuzatildi. Chunonchi, vegetatsiya davri duragaylarda 116.6 kundan 152.2 kungacha o'zgarib, 8 ta sinfga ajraldi. Bunda *G. mustelinum* ga xos qisqa kun sharoitiga bo'lgan talab tufayli 134 ta o'simlikdan 53 tasi kechpishar deb topildi, qolgan 81 tasida esa tez pishar recombinant shakllar (120-124 kun) ajralib chiqdi.

Tola sifat ko'rsatkichlari bo'yicha eng muhim natijalar qayd etildi. Ota-ona shakllarida tola uzunligi 17.2–25.6 mm oralig'ida bo'lgan bo'lsa, F₂C duragay o'simliklarida ushbu ko'rsatkich 23.1 mm dan 41.0 mm gacha o'zgaruvchanlik ko'rsatdi. Tahlillar natijasida tola uzunligi 35.1–37.0 mm bo'lgan **2 ta transgressiv o'simlik** hamda tola uzunligi 39.1–41.0 mm ga yetgan **1 ta ekstra-uzun tolali noyob o'simlik** aniqlandi.

Molekulyar-genetik tahlillarda 72 ta SSR markeridan 57 tasi (31.6%) yuqori polimorfizm ko'rsatdi. Sintetik duragaylarda jiddiy genomik o'zgarishlar yuz berganligi aniqlandi. Xususan, *subsp. frutescens* × *G. mustelinum* F₁C duragayida ota-onada mavjud bo'lgan 23 ta allel yo'qolgan, biroq ularning ota-onasida bo'lmagan 8 ta yangi (non-parental) nodir allel bo'laklari sintez qilingan. Filogenetik daraxt tahliliga ko'ra, tadqiqotdagi namunalarda 2 ta asosiy guruhga bo'lindi. Barcha sintez qilingan amfidiploid duragaylar (F₁C) xromosoma strukturasi va allellar tarkibi bo'yicha ona shakl *G. herbaceum* guruhidan uzoqlashib, yovvoyi *G. mustelinum* turi klasteriga yaqin joylashdi. Bu holat ajratib olingan transgressiv uzun tolali o'simliklarning shakllanishi to'g'ridan-to'g'ri *G. mustelinum* genlarining dominant irsiylanish effekti ekanligini tasdiqlaydi.

Foydalanilgan adabiyotlar

1. Khidirov, M.T., Ernazarova, D.K., Rafieva, F.U., Ernazarova, Z.A., Toshpulatov, A.K., Umarov, R.F., Kholova, M.D., Oripova, B.B., Kudratova, M.K., Gapparov, B.M., et al. (2023). Genomic and Cytogenetic Analysis of Synthetic Polyploids between Diploid and Tetraploid Cotton (*Gossypium*) Species. *Plants*, 12(24), 4184.
2. Jareczek, J., Grover, C., Hu, G., Xiong, X., Arick, I., Peterson, D., Wendel, J. (2023). Domestication over speciation in allopolyploid cotton species: A stronger transcriptomic pull. *Genes*, 14, 1301.
3. Kushanov, F., Turaev, O., Ernazarova, D., Gapparov, B., Oripova, B., Kudratova, M., Rafieva, F., Khalikov, K., Erjigitov, D., Khidirov, M., et al. (2021). Genetic diversity, QTL mapping, and marker-assisted selection technology in cotton (*Gossypium* spp.). *Frontiers in Plant Science*, 12, 779386.
4. Wang, B., Draye, X., Zhuang, Z., Zhang, Z., Liu, M., Lubbers, E.L., Jones, D., May, O.L., Paterson, A.H., Chee, P.W. (2017). QTL analysis of cotton fiber length in advanced

backcross populations derived from a cross between *Gossypium hirsutum* and *G. mustelinum*. *Theoretical and Applied Genetics*, 130, 1297–1308.

5. Blasio, F., Prieto, P., Pradillo, M., Naranjo, T. (2022). Genomic and meiotic changes accompanying polyploidization. *Plants*, 11, 125.
6. Yu, J., Jung, S., Cheng, C., Lee, T., Zheng, P., Buble, K., Crabb, J., Humann, J., Hough, H., Jones, D., et al. (2021). CottonGen: The community database for cotton genomics, genetics, and breeding research. *Plants*, 10, 2805.
7. Paterson, A.H., Brubaker, C.L., Wendel, J.F. (1993). A rapid method for extraction of cotton (*Gossypium* spp.) genomic DNA suitable for RFLP or PCR analysis. *Plant Molecular Biology Reporter*, 11, 122–127.