



<https://doi.org/10.70728/a.series.tab.v08.i04.040>

G‘O‘ZA GENOMIDA SUV TANQISLIGIGA CHIDAMLILIKNI BELGILOVCHI SNP MARKERLAR YORDAMIDA GENETIK XILMA-XILLIKNI BAHOLASH

Nurimova Shahnoza Obid qizi

ChDPU ATFO‘M (biologiya) mutaxassisligi 2-bosqich magistranti

Makamov Abdusalom Xasanboyevich

Genomika va bioinformatika markazi b.f.f.d., katta ilmiy xodimi

Annotatsiya. Ushbu tadqiqotda SNP (Single Nucleotide Polymorphism) markerlar yordamida g‘o‘zaning RIL populyatsiyasida genetik xilma-xillikni baholash maqsad qilingan. Tadqiqot davomida o‘simlik namunalaridan genomik DNKlar ajratib olinib, SNP markerlar yordamida genotiplash amalga oshirildi. Har bir marker bo‘yicha kutilgan geterozigotalik (H_e), polimorfizmning informativlik darajasi (PIC) va effektiv allellar soni (N_e) hisoblandi. Natijalar tahliliga ko‘ra, SNP markerlar populyatsiyada o‘rtacha genetik xilma-xillik mavjudligini ($H_e \approx 0,28$) ko‘rsatdi. Ayrim markerlar yuqori PIC qiymatga ega bo‘lib, ular genetik tahlil uchun informativ hisoblandi. Shuningdek, PIC, H_e va N_e qiymatlari A- va D- subgenom xromosomalar kesimida tahlil qililganda, D-subgenom xromosomalarida joylashgan markerlarning informativligi va xilma-xillikni yoritishdagi potentsiali A-gebgenomga qaraganda ancha yuqori ekanligi aniqlandi. Umuman olganda, tadqiqot natijalari SNP markerlarni o‘simliklarda genetik xilma-xillikni baholash va suv stressiga bog‘liq belgilarni o‘rganishda muhim vosita ekanligini ko‘rsatdi.

Kalit so‘zlar: SNP markerlar, genetik xilma-xillik, PIC, H_e , N_e , bargdagi suv miqdori.

Аннотация. Целью данного исследования была оценка генетического разнообразия популяции рекомбинантных инбредных линий хлопчатника с использованием SNP-маркеров (однонуклеотидных полиморфизмов). В ходе исследования из образцов растений была выделена геномная ДНК, и проведено генотипирование с использованием SNP-маркеров. Для каждого маркера были рассчитаны ожидаемая гетерозиготность (H_e), информативность полиморфизма (PIC) и эффективное число аллелей (N_e). Согласно анализу результатов, SNP-маркеры показали умеренное генетическое разнообразие в популяции ($H_e \approx 0,28$). Некоторые маркеры имели высокие значения PIC, которые считались информативными для генетического анализа. Также, при анализе значений PIC, H_e и N_e в участках хромосом А- и D-субгенома было обнаружено, что информативность и потенциал

повышения разнообразия маркеров, расположенных в хромосомах D-субгенома, были значительно выше, чем в A-субгеноме. В целом, результаты исследования показали, что SNP-маркеры являются важным инструментом для оценки генетического разнообразия растений и изучения признаков, связанных с водным стрессом.

Ключевые слова: SNP-маркеры, генетическое разнообразие, PIC, He, Ne, содержание воды в листьях.

Abstract. This study aimed to assess genetic diversity in a cotton RIL population using SNP (Single Nucleotide Polymorphism) markers. During the study, genomic DNA was extracted from plant samples and genotyping was performed using SNP markers. The expected heterozygosity (He), polymorphism informativeness (PIC), and effective allele number (Ne) were calculated for each marker. According to the analysis of the results, SNP markers showed moderate genetic diversity in the population ($He \approx 0.28$). Some markers had high PIC values, which were considered informative for genetic analysis. Also, when the PIC, He, and Ne values were analyzed in the section of A- and D- subgenome chromosomes, it was found that the informativeness and diversity-enhancing potential of markers located in D-subgenome chromosomes were much higher than in A-subgenome. Overall, the study results showed that SNP markers are an important tool for assessing genetic diversity in plants and studying water stress-related traits.

Keywords: SNP markers, genetic diversity, PIC, He, Ne, leaf water content.

Kirish. O‘simliklarning qurg‘oqchilikka chidamliligini belgilovchi asosiy fiziologik indikatoridan biri bu – barglardagi suv miqdoridir. Suv tanqisligi sharoitida o‘simliklar barglardagi mavjud suv zaxirasini saqlab qolish va undan samarali foydalanish xususiyati genotipning stress omilga adaptiv qobiliyatini ko‘rsatadi. O‘tkazilgan tadqiqotda g‘o‘za liniyalarining ushbu fiziologik belgisi Cotton SNP 63K Array mikrochip texnologiyasi ma'lumotlari bilan qiyosiy tahlil qilindi.

Adabiyotlar tahlili. G‘o‘za (*Gossypium hirsutum* L.) ning qurg‘oqchilikka chidamliligini oshirishda fiziologik ko‘rsatkichlar va genetik markerlar o‘rtasidagi assotsiatsiyani o‘rganish zamonaviy seleksiyaning dolzarb vazifasidir.

Barglardagi nisbiy suv miqdori (RWC) g‘o‘za o‘simligining hujayraviy suv holatini belgilovchi eng muhim fiziologik xususiyatlardan biri bo‘lib, suv tanqisligi sharoitida metabolik faollik va gidratatsiya (to‘qima va hujayralardagi hayotiy jarayonlarni normal borishi uchun zarur bo‘lgan suv miqdori bilan ta‘minlanganlik) darajasini bevosita aks ettiradi. Ilmiy tadqiqotlar shuni ko‘rsatadiki, RWCning yuqori ko‘rsatkichlari qurg‘oqchilikka chidamlilik darajasi bilan to‘g‘ridan-to‘g‘ri korrelyatsiyaga ega. O‘simliklarda ushbu ko‘rsatkich bargning turgor holati va fotosintez samaradorligini saqlashga imkon berib, osmotik stressning salbiy oqibatlarini kamaytirishda muhim hisoblanadi (Shani, M.Y., et al., 2025). Shuningdek, Barrs va Weatherley (1962) suv tanqisligi sharoitida barglardagi nisbiy suv miqdori (RWC) o‘simlikning osmotik salohiyatini saqlash qobiliyatini aks ettirishini bayon etgan. Shu bilan birga, barglarning bug‘latgan (yo‘qotilgan) suv miqdori (ELWL - Excised leaf water loss) g‘o‘za

genotiplarining barg to‘qimalarida suvni ushlab qolish qobiliyati va kutikulyar qarshilik darajasini baholashda muhim seleksion mezon hisoblanadi. ELWL darajasining past bo‘lishi o‘simlikning kuchli suv tanqisligi sharoitida hujayra va to‘qimalaridagi mavjud suv resursini tejashga qaratilgan adaptiv mexanizmidan dalolat beradi. Bu esa, prognoz qilinishi qiyin bo‘lgan qurg‘oqchilik sharoitida hosildorlik ko‘rsatkichlarining barqarorligini ta‘minlashda hal qiluvchi ahamiyatga ega xususiyat hisoblanadi (Czyczyło-Mysza IM et al., 2018). ELWL miqdori past bo‘lgan genotiplar stress sharoitida turgor bosimini yaxshi saqlab, metabolik jarayonlarni davom ettiradi.

Genetik xilma-xillikni yuqori aniqlikda baholashda SNP (Single Nucleotide Polymorphism) markerlari SSR markerlariga nisbatan samaraliroq hisoblanadi. Xususan, Hulse-Kemp va boshqalar (2015) tomonidan ishlab chiqilgan Cotton SNP 63K Array mikrochip texnologiyasi g‘o‘za genomida qurg‘oqchilikka chidamlilikni ta‘minlovchi murakkab miqdoriy belgilarni (QTL) xaritalash imkonini berdi. Populyatsiyaning genetik xilma-xilligini tavsiflashda N_e (effektiv allellar soni) va H_e (kutilayotgan geterozigotalik) ko‘rsatkichlari atrof-muhitning turli o‘zgaruvchan sharoitlariga moslashishda genetik potensialning asosi hisoblanadi (Fedorca A. et al., 2024; Song, Y. et al., 2012; Hamrick, J.L et al., 1996). Botstein va boshqalar (1980) tomonidan taklif etilgan PIC (Polymorphism Information Content) ko‘rsatkichi markerlarning genetik polimorfizmni aniqlay olish qobiliyatini belgilaydi. PIC qiymati $PIC > 0.5$ bo‘lgan markerlar namunalar o‘rtasidagi genetik polimorfizmlarni oson ajrata olganligi uchun MAS (Marker-Assisted Selection) dasturiga mos va samarali hisoblanadi.

Materiallar va metodlar: Tadqiqotda An-Boyovut-2 x CS-B16 navlarining chatishtirilishdan olingan CSB_RIL (Recombinant Inbred Lines) populyatsiyasi namunalaridan foydalanildi.

Barglarning nisbiy suv miqdori (RWC) va suv bug‘latish (yo‘qotish) darajasi (ELWL - Excised Leaf Water Loss) laboratoriya sharoitida Barrs va Weatherley (1962) metodikasi bo‘yicha aniqlandi. RWC bu – olingan yangi barg namunalaridagi mavjud suv miqdorining barg to‘liq suv bilan to‘yingan holatda saqlay oladigan maksimal suv miqdoriga nisbatining foizdagi ifodasi hisoblanadi. ELWL esa olingan barg namunalarini ma‘lum bir vaqt (4 yoki 6 soat) mobaynida bug‘latgan suv miqdorining bargdagi mavjud suv miqdoriga nisbatining foizdagi ifodasi hisoblanadi.

Genotiplash va SNP tahlili: Tadqiqot namunalarining genom DNKlari avvaldan yig‘ib olinib, muzlatgichda saqlanayotgan barg to‘qimalardan CTAB usuli (Doyle and Doyle, 1987) bo‘yicha ajratib olindi. Genotiplash jarayoni Cotton SNP 63K Array mikrochip texnologiyasi yordamida amalga oshirildi (Hulse-Kemp et al., 2015).

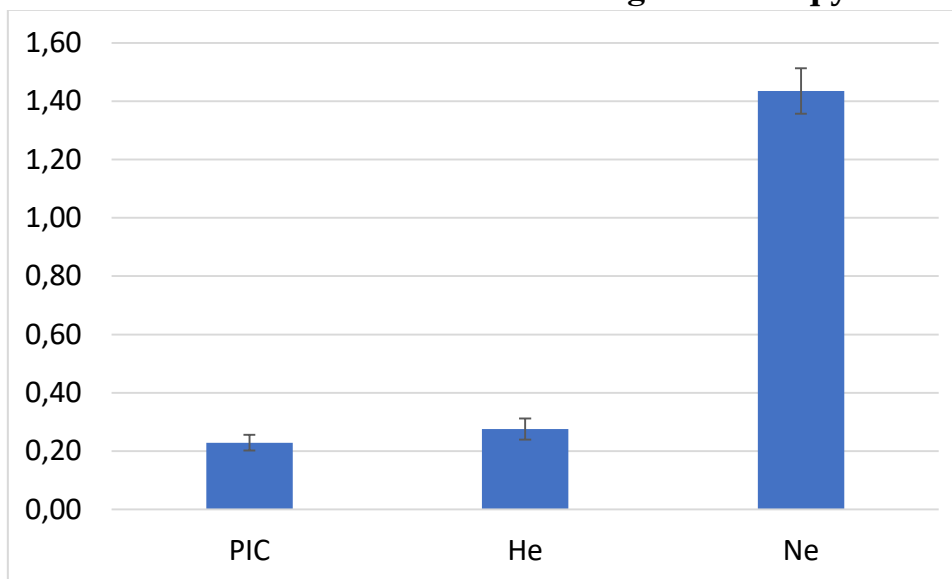
Statistik tahlil: Genetik xilma-xillik ko‘rsatkichlari (N_e , H_e) va markerlarning informativlik darajasi (PIC) GenAEx 6.5 dasturlari yordamida hisoblandi.

Natijalar va ularning muhokamasi. Tadqiqotda mahalliy An-Boyovut-2 navi bilan xromosomasi almashtirilgan CS-B16 liniyasini duragaylash yo‘li bilan yaratilgan RIL populyatsiyasining 50 ta liniyalari 1754 ta SNP markerlar bilan genotipik tahlil

qilinib, markerlarning informativlik darajasi (PIC), kutilgan geterozigotalik (He) va effektiv allellar soni (Ne) kabi ko‘rsatkichlarning o‘rtacha qiymatlari hisoblab chiqildi (1-rasm).

1-rasm.

Genetik xilma-xillik ko‘rsatkichlarining o‘rtacha qiymatlari



Tadqiqot natijalariga ko‘ra, PIC darajasi o‘rtacha 0,23 ($SD = 0,03$; $SE = 0,01$) bo‘lib, bu markerlarning informativlik darajasi o‘rtacha ekanligini ko‘rsatadi. Kutilgan geterozigotalik (He) qiymati 0,28 ($SD = 0,04$; $SE = 0,01$) bo‘lib, populyatsiyada genetik xilma-xillikning nisbatan barqaror va o‘rtacha darajada ekanligini ifodalaydi. Effektiv allel soni (Ne) esa 1,44 ($SD = 0,08$; $SE = 0,02$) ni tashkil etib, allellar taqsimotida cheklangan, lekin yetarli genetik diversifikatsiya mavjudligini ko‘rsatadi. Umuman olganda, ushbu natijalar RIL populyatsiyasida genetik xilma-xillikning o‘rtacha darajada saqlanganini va SNP markerlar genetik strukturani baholash uchun ishonchli ekanligini tasdiqlaydi.

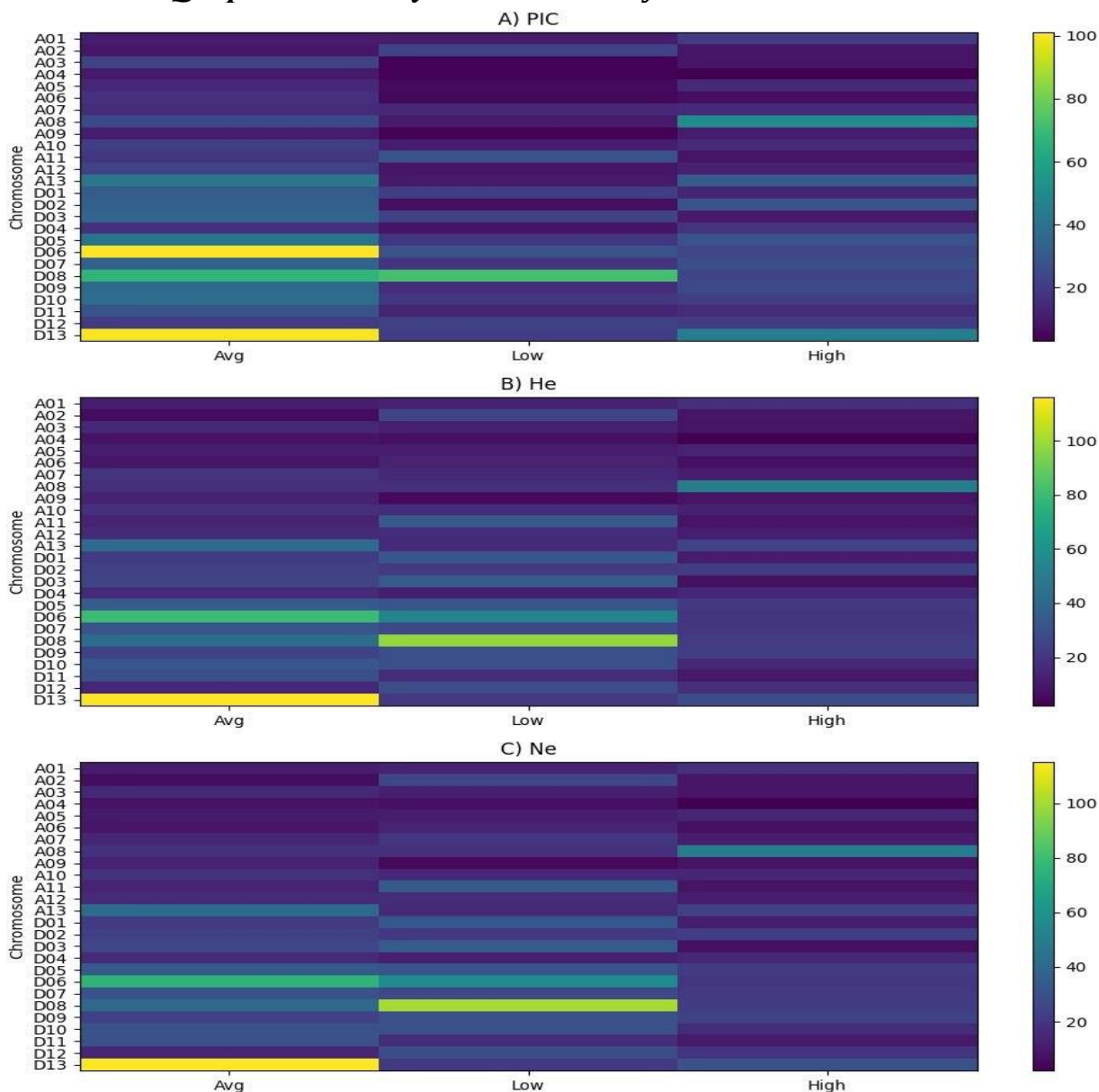
Bundan tashqari, populyatsiyada genetik xilma-xillik ko‘rsatkichlarining xromosoma bo‘yicha taqsimlanishi sezilarli darajada farqlanishi kuzatildi (2-rasm).

Umuman olganda, D subgenom xromosomalarida PIC, He va Ne qiymatlari A subgenomga nisbatan ancha yuqori ekanligi aniqlandi. Xususan, D06, D08 va D13 xromosomalar barcha uchta ko‘rsatkich bo‘yicha eng yuqori qiymatlarni namoyon etdi va genetik xilma-xillikning “hotspot” hududlari sifatida ajralib turdi. Masalan, D13 xromosomasida He (116) va Ne (115) ning juda yuqori o‘rtacha qiymatlari kuzatildi, D06 da esa PIC (101) va He (80) yuqori darajada qayd etildi. Ushbu natijalar D subgenom ushbu RIL populyatsiyaning umumiy genetik xilma-xilligiga katta hissa qo‘shishini ko‘rsatadi.

A subgenomda esa genetik xilma-xillik ko‘rsatkichlari nisbatan past va barqaror ekanligi kuzatildi. Shunga qaramay, ayrim xromosomalar, masalan A08 va A13, yuqoriroq qiymatlar (PIC mos ravishda 51 va 31) bilan ajralib turdi. Biroq, umumiy tendensiya bo‘yicha A subgenomdagi variatsiya darajasi D subgenomga qaraganda pastroq bo‘lib qoldi. Bu holat subgenomlar o‘rtasidagi evolyutsion farqlar, rekombinatsiya chastotasi yoki seleksiya bosimining turlicha bo‘lishi bilan izohlanishi mumkin.

2-rasm.

Genetik xilma-xillik ko‘rsatkichlarining xromosoma bo‘yicha taqsimlanishi



Shuningdek, PIC, He va Ne ko‘rsatkichlari o‘rtasida yuqori darajadagi moslik (konsistentlik) kuzatildi. Ya’ni, PIC yuqori bo‘lgan hududlarda odatda He va Ne qiymatlari ham yuqori bo‘ldi. Bu esa olingan genotipik ma’lumotlarning ishonchligini tasdiqlaydi, chunki ushbu uchala parametr allel chastotalari va xilma-xillikni baholashda o‘zaro bog‘liq ko‘rsatkichlar hisoblanadi.

Xromosomalar bo‘yicha genetik xilma-xillikning notekis taqsimlanishi amaliy jihatdan ham muhim ahamiyatga ega. Ayniqsa, yuqori PIC, He va Ne qiymatlariga ega bo‘lgan D subgenom xromosomalari genetik xaritalash va genom bo‘yicha assotsiatsiya tahlillari (GWAS) uchun istiqbolli hududlar hisoblanadi. Bunday hududlar markerlarga asoslangan seleksiya (MAS) jarayonida qimmatli lokuslarni aniqlashda muhim rol o‘ynashi mumkin. Umuman olganda, olingan natijalar g‘o‘za genomida subgenomlarga xos genetik xilma-xillik mavjudligini ko‘rsatadi va bunda D subgenomning ustun roli aniqlanadi. Ushbu ma’lumotlar kelgusida muhim xo‘jalik belgilariga, ayniqsa abiotik stressga chidamlilik bilan bog‘liq genlarni aniqlashda muhim asos bo‘lib xizmat qiladi.

Xulosa. Xulosa qilib aytganda, SNP markerlar An-Boyovut-2 navi bilan CS-B16 liniyasi ishtirokida yaratilgan CSB_RIL populyatsiyasida genetik xilma-xillikni o‘rtacha darajada ekanligini va uni qimmatli xo‘jalik belgilarga aloqador miqdoriy belgilar lokuslarini aniqlashda muhim ahamiyatga ega ekanligini ko‘rsatib berdi. Yuqori PIC, Ne va He qiymatlariga ega bo‘lgan markerlar suv tanqisligiga chidamlilikda muhim bo‘lgan RWC va ELWL belgilariga mas’ul SNP markerlarni aniqlashda muhim genetik vosita bo‘lib xizmat qiladi.

FOYDALANILGAN ADABIYOTLAR

1. Barrs, H.D., & Weatherley, P.E. (1962). A re-examination of the relative turgidity technique for estimating water deficits in leaves. *Australian Journal of Biological Sciences*, 15(3), 413-428.
2. Botstein, D., White, R.L., Skolnick, M., & Davis, R.W. (1980). Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *American Journal of Human Genetics*, 32(3), 314.
3. Czyczyło-Mysza IM, Marcińska I, Skrzypek E, Bocianowski J, Dziurka K, Rančić D, Radošević R, Pekić-Quarrie S, Dodig D, Quarrie SA. Genetic analysis of water loss of excised leaves associated with drought tolerance in wheat. *PeerJ*. 2018 Jul 6;6:e5063. doi: 10.7717/peerj.5063.
4. Doyle, J.J., & Doyle, J.L. (1987). A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochemical Bulletin*, 19, 11-15.
5. Fedorca A, Mergeay J, Akinyele AO, Albayrak T, Biebach I, et al., Dealing With the Complexity of Effective Population Size in Conservation Practice. *Evol Appl*. 2024 Dec 13;17(12):e70031. doi: 10.1111/eva.70031.
6. Hamrick, J.L.; Godt, M.W. Effects of life history traits on genetic diversity in plant species. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Ser. B Biol. Sci.* 1996, 351, 1291–1298.
7. Hulse-Kemp, A.M., et al. (2015). Development of a 63K SNP Array for Cotton and Its Application in Genetic Mapping. *G3: Genes, Genomes, Genetics*, 5(6), 1187-1209.
8. Song, Y.; Jiang, X.; Zhang, M.; Wang, Z.; Bo, W.; An, X.; Zhang, D.; Zhang, Z. Differences of EST-SSR and genomic-SSR markers in assessing genetic diversity in poplar. *For. Stud. China* 2012, 14, 1–7.
9. Shani, M.Y., Ditta, A., Khan, M.K.R. et al. Deciphering drought tolerance in cotton genotypes through integrated morpho-physiological and biochemical markers at flowering stage. *Sci Rep* 15, 44123 (2025). <https://doi.org/10.1038/s41598-025-28237-6>