



KARTOSHKKA (*SOLANUM TUBEROSUM* L) BIOTEXNOLOGIYASIDA QO‘LLANILUVCHI ASOSIY MOLEKULYAR TEXNOLOGIYALAR

<https://doi.org/10.70728/qdpi.v08.i01.019>

*Xusanbayeva Sh.R.¹, Usmanov D.E.¹, Abdukarimov Sh.S.^{1,2},
Abdug‘afforov A.T.¹, Sharifjonov A.A.^{1,2}, Juraqulov D.S.¹, Buriev Z.T.^{1,3}*

¹O‘zR FA Genomika va bioinformatika markazi, Qibray, O‘zbekiston

²Mirzo Ulug‘bek nomidagi O‘zMU, Toshkent, O‘zbekiston

email: shakhnozakhusanbayeva@gmail.com

Annotatsiya. *Solanum tuberosum* L. muhim oziq ovqat ekini bo‘lib, uni yetishtirish yildan yilga biotik stresslar, abiotik omillar va global iqlim o‘zgarishi tufayli tobora qiyinlashib bormoqda. An‘anaviy seleksiya usullari kartoshka genomining murakkabligi, yuqori geterozigotaliligi, seleksiya jarayoning uzoqligi sabab yuqori biotexnologiya usullarini qo‘llashni talab etadi. Ushbu maqolada hozirda kartoshka biotexnologiyasida qo‘llanilayotgan molekulyar texnologiyalar haqida so‘z boradi.

Kalit so‘zlar: kartoshka, molekulyar markerlar, markerlarga asoslangan seleksiya, CRISPR/Cas, RNAi.

Аннотация. *Solanum tuberosum* L. — важная продовольственная культура, выращивание которой становится все более сложным из-за биотических стрессов, абиотических факторов и глобального изменения климата. Традиционные методы селекции требуют использования передовых биотехнологических методов из-за сложности генома картофеля, высокой гетерозиготности и длительности процесса отбора. В данной статье рассматриваются молекулярные технологии, используемые в настоящее время в биотехнологии картофеля.

Ключевые слова: картофель, молекулярные маркёры, селекция на основе маркеров, CRISPR/Cas, RNAi.

Abstract. *Solanum tuberosum* L. is an important food crop, the cultivation of which is becoming increasingly challenging due to biotic stresses, abiotic factors, and global climate change. Traditional breeding methods require advanced biotechnological approaches due to the complexity of the potato genome, high heterozygosity, and the lengthy selection

process. This article examines the molecular technologies currently used in potato biotechnology.

Key words: potato, molecular markers, marker associated selection, CRISPR/Cas, RNAi.

Kirish. Kartoshka (*solanum tuberosum*) dunyo bo‘ylab eng ko‘p yetishtiriladigan qishloq xo‘jalik ekinlari orasida 4-o‘rinda turuvchi ekin turidir. Tarkibida yuqori darajada uglevodlar, oqsil, vitaminlar tutishi bilan u global oziq ovqat xavfsizligida alohida o‘rin egallaydi. Shunigdek yuqori hosil berishi, vegetatsiya davrining qisqaligi va yer sharining deyarli barcha mintaqalarida yetishtirilishi va iste‘mol qilinishi uning ozuqaviy qimmatini yanada oshiradi. (Birch et al., 2012) Qolaversa sanoatda oziq ovqat mahsulotlari, spirt, kraxmal, chorva uchun ozuqa va bioyonilg‘i olishda xomashyo sifatida ham qo‘llaniladi (Hameed et al., 2018).

Global iqlim o‘zgarishi, biotik va abiotik stresslar kartoshka yetishtirishda ham ko‘plab muammolar keltirib chiqarmoqda. Ayniqsa *Phytophthora infestans* keltirib chiqaradigan fitoftorioz (light blight) kasalligi, turli xil virusli kasalliklar, nematodalar, qurg‘oqchilik, sho‘rlanish kabi sabablar tufayli har yili hosilning 20% dan ko‘prog‘i nobud bo‘lmoqda (Haverkort et al., 2008) Hosil yig‘ib olingandan so‘ng omborlarda saqlanish jarayonida chirish, fermentlar ta‘sirida qorayish, sovuq tufayli shirinlashish kabi holatlar hosil sifatini yanada tushiradi.

Kartoshkaning autotetraploidligi ($2n=4x=48$), genomning yuqori darajadagi geterozigotaligi, uni an‘naviy seleksiya usullarda yangi navlar olishda qiyinchilik tug‘diradi. Qolaversa bu jarayon ancha vaqt talab qiladi (Bradshaw, 2021). Biotexnologik yutuqlarning kartoshkada qo‘llanilishi bu qiyinchiliklarni ancha yengillashtiradi. Molekulyar markerlar, yuqori aniqlikdagi sekvens ma‘lumotlari va multi omiks texnologiyalar qimmatli xo‘jalik belgilariga assotsiatsiyalashgan lokuslarni topishda va funksional genlarni aniqlashda sezilarli hissa qo‘shmoqda. (Li et al., 2024) Agrobakteriyaga asoslangan genetik transformatsiya ham kartoshkada bundan 40 yil avval qo‘llanilganiga qaramasdan o‘z effektivligini yo‘qotmagan (Ooms et al., 1985)

So‘nggi yillarda CRISPR/Cas texnologiyasining kartoshkaga joriy etilishi transgenlikdan xoli liniyalar olishda, chidamlilik genlarini aniqlashda, gormon signal yo‘llarini o‘rganish imkonini yaratmoqda. (Andersson et al., 2018)

Kartoshka genom sturturasi. Kartoshka uchun referens genomning to‘liq o‘qilishi genom tadqiqotlari uchun asos bo‘lib xizmat qiladi. Qo‘sh monoploid genotip (DM1-3 516R44) birinchi yuqori sifatli sekvens ma‘lumotlari gen identifikatsiyasi, funksional annotatsiyasi va qiyosiy genomika uchun asosiy manbani tadim etdi. (Xu et al., 2011) Kartoshkaning autotetraploid tabiati va yuqori darajadagi xilma xil allellari an‘naviy seleksiya uchun katta qiyinchiliklar tug‘diradi, lekin genomik resurslarning ortishi, gen

oilalarining xarakteristikasi, R (resistance) chidamlilik genlar va agronomik belgilar bilan aloqador lokuslarning aniqlanishi seleksiya jarayonlarini yengillashtiradi (Hardigan et al., 2017) Long read sequencing (uzun qismlar sekvensi) sohasidagi so‘nggi yutuqlar kartoshkaning pangenomlari genotip spesifik chidamlilik lokuslarini aniqlash imkonini berdi. Bu esa markerlarga asoslangan seleksiya va genom tahrirlash uchun nishon genlarni topishni yanada soddalashtiradi. (Pham et al., 2017)

Molekulyar markerlar va markerlarga asoslangan seleksiya. Yuqori samarali genotiplash platformalarining kartoshkada tatbiq qilinishi molekulyar darajadagi seleksiya harakatlarini o‘zgartirdi. Genotiplash bo‘yicha sekvenslash (Genotyping By Sequencing) va SolCAP massivi kabi SNP massivlari orqali aniqlangan yagona nukleotidli polimorfizmlar (SNP) barcha 12 xromosomalar bo‘ylab zich marker qoplamasini ta‘minlab, murakkab poligenik belgilarning aniq xaritasini yaratishga imkon berdi (Vos va boshq., 2015). Markerlarga asoslangan seleksiya fitoftoriozga, kartoshka Y virusiga (PYV) chidamlilikni oshirishda, shuningdek nematodalarga va tuganaklardagi kraxmal tarkibi kabi sifat belgilarini yaxshilashda keng qo‘llanilgan. (Vos et al., 2015)

Genom tahrirlash (CRISPR). CRISPR/Cas texnologiyasi kartoshkaning murakkab autotetraploid genomidagi barcha allelarida manipulyatsiya qila olishi bilan kartoshka biotexnologiyasida alohida o‘rin tutadi. CRISPR/Cas kartoshkada ko‘p qo‘llanilayotgan texnologiya bo‘lib u DNK ikkila zanjirda uzilish hosil qilib gomologik bo‘lmagan uchlarni qo‘shilishi yoki gomologik holda DNKni ta‘mirlashi mumkin. (Andersson et al., 2018) Cas9 dan tashqari boshqa nukleazalar Cas12, Cas13 ham kartoshka biotexnologiyasida qo‘llanilmoqda. Cas12 nishon saytlar sonini Cas9 ga nisbatan ancha oshiradi. Cas9 dan farqli o‘laroq Cas12 timinga boy hududlarni PAM sifatida qabul qiladi. (Endo et al., 2016) Kartoshkaning qimmatli xo‘jalik belgilarini oshirishda ham CRISPR/Cas sistemasidan foydalanib kelinmoqda. Kasalliklarga chidamlilikni oshirish kartoshkadan yuqori hosil olishda dolazrb sanaladi. Bu borada kartoshka genomidagi S (susceptibility) genlarni nishon qilish ancha samarali natija beradi. Chunki bu genlar kasallik qo‘zg‘atuvchilari uchun juda muhim. Kartoshkani eng ko‘p *Phytophthora infestans* zararlab fitoftoroz kasalligini keltirib chiqaradi. *StDMR6-1* va *StCHL1* genlari bu kasallikka chidamli navlar yaratishda istiqbolli S genlar sifatida tajribadan o‘tgan. (Kieu et al., 2021)

RNKi texnologiyasi. RNK interferensiya hujayrdagi tabiiy jarayon bo‘lib biotexnologiyada genlarni “o‘chirish” uchun foydalaniladi. Bu bir necha bosqichni o‘z ichiga oladi. Dastlab uzun ikki zanjirli RNK molekulasini dicer fermenti tomonidan tanib oladi. Bunda uzun RNK ikki zanjirli RNKga sun‘iy ravishda yoki viruslar tomonidan hujayraga kiritiladi. Dicer xuddi molekulyar qaychi singari ishlab uzun zanjirli RNKni kichik funksional fragmentlarga bo‘ladi bu fragmentlr kichik interferensiyaluvchi RNK deyiladi (small interfering RNAs).

siRNA fragmentlari RISC (RNA-induced silencing complex) deb ataluvchi oqsil kompleksiga joylashtiriladi. siRNAning bir zanjiri (“yo‘naltiruvchi” ip) RISC bilan bog‘lanib qolgan zanjir tashlanadi. RISC kompleksi mRNKga komplementar nukleotid ketma ketligini topish uchun hujayrani skanerlab, mos ketma ketlikni topgach ushbu mRNKni parchalaydi. Nishon qilingan mRNKning parchlanishi uning oqsilga translyatsiya bo‘lishini oldini oladi natijada ushbu gen ekspressiyasini susaytiradi.(Andrew Fire et al., 1998)

Bu texnologiya o‘simliklarda kasalliklarga chidamlilikni oshirishda qo‘llanilgan dastlabki muvaffaqiyatli texnologiyalardan biri. Ushbu texnologiya kartoshkaning Y virusiga chidamlilikni nazoratga nisbatan oshirganligini tajribalarda kuzatilgan.(Missiou et al., 2004) Shuningdek kartoshkaning X virusi (PVX), S virusi (PVS) chidamli genotiplari ham yaratilgan. (Hameed et al., 2017)

Kartoshkaning tarkibi va agronomik belgilarini yaxshilashda ham bu texnologiya qo‘llanilgan. Agar hosil past haroratda saqlansa kartoshka tarkibidagi kraxmal shakarga aylanib bu esa istalmagan qizarishga va qovurilganda konseragen modda – akrilomid hosil bo‘lishiga olib keladi. iRNK ushbu jarayonni boshqaruvchi vakuolyar invertaz genini (VInv) o‘chirish uchun ishlatilgan (Bhaskar et al., 2010).

Xulosa. Kartoshka qishloq xo‘jaligidagi muhim oziq ovqat ekini bo‘lib, yuqori darajada geterozigotaligi yangi navlar yaratishda qiyinchilik tug‘diradi. Kartoshka biotexnologiyasida erishilgan yutuqlar: yuqori aniqlikdagi genomik resurs ma’lumotlari, molekulyar texnologiyalar va genomni tahrirlash imkoniyati muammolarni yechimiga yaqinlashtirmoqda. Shuningdek, transkriptomik, metabolomik va proteomik ma’lumotlari tugunak rivojlanish biologiyasi, stressga javob reaksiyalari kabi muhim jarayonlarni tushunishga imkon beradi.

FOYDALANILGAN ADABIYOTLAR

1. Andersson, M., Turesson, H., Olsson, N., Fält, A. S., Ohlsson, P., Gonzalez, M. N., Samuelsson, M., & Hofvander, P. (2018). Genome editing in potato via CRISPR-Cas9 ribonucleoprotein delivery. *Physiologia Plantarum*, 164(4), 378–384. <https://doi.org/10.1111/ppl.12731>
2. Andrew Fire, SiQun Xu, Mary K. Montgomery, Steven A. Kostas, Samuel E. Driver, & Craig C. Mello. (1998). Potent and specific genetic interference by double-stranded RNA in *Caenorhabditis elegans*. *Nature*, 391, 806–811.
3. Bhaskar, P. B., Wu, L., Busse, J. S., Whitty, B. R., Hamernik, A. J., Jansky, S. H., Buell, C. R., Bethke, P. C., & Jiang, J. (2010). Suppression of the vacuolar invertase gene prevents cold-induced sweetening in potato. *Plant Physiology*, 154(2), 939–948. <https://doi.org/10.1104/pp.110.162545>

4. Birch, P. R. J., Bryan, G., Fenton, B., Gilroy, E. M., Hein, I., Jones, J. T., Prashar, A., Taylor, M. A., Torrance, L., & Toth, I. K. (2012). Crops that feed the world 8: Potato: Are the trends of increased global production sustainable? *Food Security*, 4(4), 477–508. <https://doi.org/10.1007/s12571-012-0220-1>
5. Bradshaw, J. (2021). *Potato Breeding: Theory and Practice*.
6. Endo, A., Masafumi, M., Kaya, H., & Toki, S. (2016). Efficient targeted mutagenesis of rice and tobacco genomes using Cpf1 from *Francisella novicida*. *Scientific Reports*, 6. <https://doi.org/10.1038/srep38169>
7. Hameed, A., Tahir, M. N., Asad, S., Bilal, R., Van Eck, J., Jander, G., & Mansoor, S. (2017). RNAi-Mediated Simultaneous Resistance Against Three RNA Viruses in Potato. *Molecular Biotechnology*, 59(2–3), 73–83. <https://doi.org/10.1007/s12033-017-9995-9>
8. Hameed, A., Zaidi, S. S. e. A., Shakir, S., & Mansoor, S. (2018). Applications of new breeding technologies for potato improvement. In *Frontiers in Plant Science* (Vol. 9). Frontiers Media S.A. <https://doi.org/10.3389/fpls.2018.00925>
9. Hardigan, M. A., Laimbeer, F. P. E., Newton, L., Crisovan, E., Hamilton, J. P., Vaillancourt, B., Wiegert-Rininger, K., Wood, J. C., Douches, D. S., Farré, E. M., Veilleux, R. E., & Buell, C. R. (2017). Genome diversity of tuber-bearing *Solanum* uncovers complex evolutionary history and targets of domestication in the cultivated potato. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 114(46), E9999–E10008. <https://doi.org/10.1073/pnas.1714380114>
10. Haverkort, A. J., Boonekamp, P. M., Hutten, R., Jacobsen, E., Lotz, L. A. P., Kessel, G. J. T., Visser, R. G. F., & Van Der Vossen, E. A. G. (2008). Societal costs of late blight in potato and prospects of durable resistance through cisgenic modification. In *Potato Research* (Vol. 51, Issue 1, pp. 47–57). <https://doi.org/10.1007/s11540-008-9089-y>
11. Kieu, N. P., Lenman, M., Wang, E. S., Petersen, L., & Andreasson, E. (2021). Mutations introduced in susceptibility genes through CRISPR/Cas9 genome editing confer increased late blight resistance in potatoes. *Scientific Reports* |, 11, 4487. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-83972-w>
12. Li, D., Geng, Z., Xia, S., Feng, H., Jiang, X., Du, H., Wang, P., Lian, Q., Zhu, Y., Jia, Y., Zhou, Y., Wu, Y., Huang, C., Zhu, G., Shang, Y., Li, H., Städler, T., Yang, W., Huang, S., & Zhang, C. (2024). Integrative multi-omics analysis reveals genetic and heterotic contributions to male fertility and yield in potato. *Nature Communications*, 15(1). <https://doi.org/10.1038/s41467-024-53044-4>
13. Missiou, A., Kalantidis, K., Boutla, A., Tzortzakaki, S., Tabler, M., & Tsagris, M. (2004). Generation of transgenic potato plants highly resistant to potato virus Y (PVY) through RNA silencing. *Molecular Breeding*, 14.

14. Ooms, G., Karp, A., Burrell, M. M., Twell, D., & Roberts, J. (1985). Genetic modification of potato development using Ri T-DNA. In *Theor Appl Genet* (Vol. 70). Springer-Verlag.

15. Pham, G. M., Newton, L., Wiegert-Rininger, K., Vaillancourt, B., Douches, D. S., & Buell, C. R. (2017). Extensive genome heterogeneity leads to preferential allele expression and copy number-dependent expression in cultivated potato. *Plant Journal*, 92(4), 624–637. <https://doi.org/10.1111/tpj.13706>

16. Vos, P. G., Uitdewilligen, J. G. A. M. L., Voorrips, R. E., Visser, R. G. F., & van Eck, H. J. (2015). Development and analysis of a 20K SNP array for potato (*Solanum tuberosum*): an insight into the breeding history. *Theoretical and Applied Genetics*, 128(12), 2387–2401. <https://doi.org/10.1007/s00122-015-2593-y>

17. Xu, X., Pan, S., Cheng, S., Zhang, B., Mu, D., Ni, P., Zhang, G., Yang, S., Li, R., Wang, J., Orjeda, G., Guzman, F., Torres, M., Lozano, R., Ponce, O., Martinez, D., De La Cruz, G., Chakrabarti, S. K., Patil, V. U., ... Visser, R. G. F. (2011). Genome sequence and analysis of the tuber crop potato. *Nature*, 475(7355), 189–195. <https://doi.org/10.1038/nature10158>