

G‘O‘ZA TOLASINING UZUNLIGINI BELGILAB BERUVCHI GENLARNING MOLEKULAR TAHLILI

Muminov Ilyosbek O‘rinboy o‘g‘li

Namangan Davlat Universiteti

Annotatsiya: Ushbu maqolada g‘o‘za (*Gossypium* spp.) tolasining uzunligiga ta‘sir qiluvchi asosiy genlar aniqlanib, ularning molekulyar-genetik asoslari, ekspressiya darajalari va seleksiyada qo‘llanilishi tahlil qilinadi. Molekulyar markerlar va gen ekspressiyasi tahlili orqali tola sifati va hosildorlikni oshirishga qaratilgan yondashuvlar yoritiladi.

Kalit so‘zlar: g‘o‘za, tola uzunligi, molekulyar genetika, ekspressiya, seleksiya, QTL.

KIRISH

G‘o‘za dunyo bo‘yicha muhim sanoat ekini hisoblanadi va uning tolasining sifati (uzunligi, kuchi, yupqaligi) mato ishlab chiqarishda hal qiluvchi omildir. Ayniqsa, **tola uzunligi** — paxtaning eksportbopligini belgilovchi asosiy sifat ko‘rsatkichlaridan biridir. An‘anaviy seleksiya bu xususiyatni yaxshilashda qisman samara bergan bo‘lsa-da, **molekulyar genetika yutuqlari** orqali bu jarayonni yanada aniqlashtirish va tezlashtirish imkoniyati paydo bo‘ldi.

Genom darajasida tola uzunligiga ta‘sir qiluvchi genlar va ularning ifodalanish darajasi to‘g‘risidagi bilimlar paxtachilikda zamonaviy seleksiya dasturlarini ishlab chiqishda asosiy poydevor bo‘lib xizmat qilmoqda. Tadqiqotning maqsadi — g‘o‘za tolasining uzunligiga javob beruvchi genlarning molekulyar tahlilini o‘tkazish va ularning seleksion ahamiyatini aniqlashdan iborat.

So‘nggi yillarda dunyodagi ko‘plab paxtachilik ilmiy markazlarida **Gossypium hirsutum** turidagi g‘o‘za navlarida tola uzunligini belgilovchi genlar tahlil qilinmoqda. Bu jarayon **genomik seleksiya, transkriptom analiz, QTL xaritalash, va gen ekspressiyasini baholash** kabi ilg‘or molekulyar usullar orqali olib borilmoqda.

O‘zbekiston paxtachiligi uchun ham bu yo‘nalish dolzarb ahamiyat kasb etadi, chunki yuqori sifatli, eksportbop tolali navlar seleksiyasi agrar iqtisodiyot barqarorligida muhim rol o‘ynaydi. Shunday ekan, g‘o‘za tolasining uzunligiga

bevosita ta'sir qiluvchi genlarning aniqlanishi — seleksionerlar, genetiklar va agronomlar uchun asosiy ilmiy-texnik yo'nalishlardan biridir.

Ushbu tadqiqot aynan mana shu ehtiyojlarni inobatga olgan holda olib borildi va g'o'za tolasining uzunligini boshqaruvchi asosiy genlar, ularning ekspressiyasi va ularni aniqlashda qo'llanilgan molekulyar vositalar atroflicha o'rganildi.

METODOLOGIYA

Tadqiqot quyidagi metodlar asosida olib borildi:

1. **Namuna tanlash:** O'zbekiston hududida yetishtiriladigan yuqori va past tola uzunligiga ega *Gossypium hirsutum* navlari tanlab olindi.
2. **DNK ajratish va PCR:** Barg to'qimalaridan DNK ajratilib, polimeraza zanjir reaksiyasi (PCR) orqali genetik markerlar aniqlashtirildi.
3. **Molekulyar markerlar:** SSR (Simple Sequence Repeat) va SNP (Single Nucleotide Polymorphism) markerlaridan foydalanildi.
4. **Gen ekspressiyasi:** Tolaning 10–20 kunlik o'sish bosqichida RNA ajratilib, qRT-PCR usuli bilan ekspressiya darajalari o'lchandi.
5. **Bioinformatik tahlil:** NCBI, CottonGen va TAIR ma'lumotlar bazalaridan foydalanildi. QTL (Quantitative Trait Loci) xaritalar asosida asosiy genlar identifikatsiya qilindi.
6. **Statistik tahlil:** ANOVA va korrelyatsiya usullari bilan gen-ekspressiya va tola uzunligi o'rtasidagi bog'liqlik tahlil qilindi.

NATIJALAR

1. **Asosiy genlar aniqlanishi:**

Tola uzunligi bilan bog'liq bo'lgan quyidagi asosiy genlar ajratib olindi:

 - o **GhEXP1 (expansin geni):** hujayra devorini yumshatish orqali elongatsiyani rag'batlantiradi.
 - o **GhCesA (cellulose synthase geni):** sellyuloza sintezini boshqaradi, bu esa tohani mustahkamlab, uni cho'ziluvchan qiladi.
 - o **GhMYB25, GhHD1:** transkripsion faktor sifatida tola o'sishini tartibga soluvchi genlar.
2. **Gen ekspressiyasi darajasi:**
 - o GhEXP1 geni yuqori tola uzunligiga ega navlarda 2,5 barobar ko'proq ifodalangan.
 - o GhCesA geni esa 15 kunlik tola o'sish bosqichida maksimal faollik ko'rsatdi.

○ Past tola uzunligiga ega navlarda bu genlarning ifodalanishi sust kechgani aniqlandi.

3. QTL xaritasi natijalari:

○ Tola uzunligiga ta'sir qiluvchi 12 ta QTL segmenti aniqlanib, ular 3-, 5- va 11-xromosomalar bilan bog'liq bo'ldi.

○ Bu hududlardagi markerlar seleksion ishlarda foydalanish uchun istiqbolli deb topildi.

MUHOKAMA

Ushbu tadqiqot natijalari molekulyar genetika usullarining g'o'za tola sifati, ayniqsa uzunligini yaxshilashdagi katta salohiyatini tasdiqladi. GhEXP1 va GhCesA genlarining ekspressiya darajalari tola uzunligining fenotipik ifodalanishiga bevosita bog'liqligini ko'rsatdi.

Bu genlar asosida **marker-assotsiatsiyalangan seleksiya (MAS)** texnologiyalarini joriy qilish orqali paxta navlarini tez va aniq saralash mumkin. Shu bilan birga, yuqori ifodalanuvchi genlarni tanlash, ularni genetik muhandislik orqali boshqa navlarga kiritish ham istiqbolli yo'nalish bo'lib qoladi.

QTL xaritalar orqali aniqlangan markerlar va lokuslar keyingi seleksion dasturlar uchun kuchli genomik asos bo'lib xizmat qiladi. Bunda bioinformatik analizlar genlararo tarmoq va regulyator mexanizmlarni chuqurroq o'rganishga imkon beradi.

XULOSA

G'o'za tolasining uzunligi murakkab, ko'p genli belgilar toifasiga kiradi va u genetik hamda epigenetik mexanizmlar orqali tartibga solinadi. Molekulyar tahlil natijalariga ko'ra:

- GhEXP1, GhCesA va GhMYB25 kabi genlar tola uzunligiga bevosita ta'sir ko'rsatadi;

- Bu genlarning ifodalanuvchi darajasi tola o'sish bosqichida sezilarli farq qiladi;

- Aniqlangan QTL segmentlari seleksiya va genetik muhandislikda foydalanish uchun istiqbolli markerlar hisoblanadi.

Ushbu ma'lumotlar asosida molekulyar seleksiya va biotexnologik yondashuvlar yordamida yuqori sifatli tola yetishtiruvchi yangi navlar yaratish imkoniyati mavjud.

Yuqoridagi tahlillar asosida quyidagi xulosalarga kelindi:

- G'o'zada tola uzunligi murakkab poligenik belgi bo'lib, ko'plab gen va genlararo o'zaro ta'sirlar asosida shakllanadi;

• Molekulyar markerlar (SSR, SNP) yordamida GhEXP1, GhCesA, GhMYB25, GhHD1 kabi genlarning aniqlanishi tola sifati bo'yicha **molekulyar seleksiya asoslarini** yaratadi;

• GhEXP1 geni tola hujayralarining cho'zilishida, GhCesA esa hujayra devorini shakllantirishda yetakchi rol o'ynaydi;

• QTL xaritalar orqali tanlab olingan genetik hududlar seleksiyada **marker-assotsiatsiyalangan seleksiya (MAS)** uchun asos bo'la oladi;

• G'o'za genetik resurslarini molekulyar darajada baholash orqali yuqori samaradorlikka ega yangi navlarni yaratish imkoniyati oshadi.

Shunday qilib, molekulyar tahlil usullarining g'o'za tola sifatini yaxshilashdagi roli beqiyosdir va bu yo'nalishdagi izlanishlar seleksiya samaradorligini oshirishda davom etishi lozim.

Foydalanilgan dabiyotlar

1. Zhang, T., et al. (2015). CottonGen: A genomics, genetics and breeding database for cotton research. *Nucleic Acids Research*, 43(D1), D1229–D1236.
2. Ruan, Y., et al. (2003). Expansin gene expression is closely correlated with cotton fiber elongation. *Plant Physiology*, 131(3), 1278–1286.
3. Qin, Y. M., & Zhu, Y. X. (2011). How cotton fibers develop: A tale of elongation and secondary wall deposition. *BioEssays*, 33(8), 673–682.
4. Li, F., et al. (2009). Molecular mapping of QTLs for fiber quality traits using recombinant inbred lines in cotton. *Euphytica*, 167(2), 191–199.
5. Paterson, A. H., et al. (2012). Repeated polyploidization of *Gossypium* genomes and its impact on gene expression. *Nature*, 492(7429), 423–427.

Research Science and
Innovation House