

Pomidor (*Solanum lycopersicum* L.) genetikasi va abiotik stresslarga chidamlilik: innovatsion yondashuvlar va ilmiy taraqqiyot bosqichlari

Atamirzayeva R.A., Turayev O.S., Sodiqova M.O., Rajametov Sh.N
Email: ruhangizatamirzayeva@gmail.com +998932509292

O'simliklar genetik resurslari ilmiy tadqiqot instituti
Toshkent viloyati, Qibray tumani, Oq-qovoq QFY, Botanika ko'chasi, 1-uy

Annotatsiya

*Pomidor (*Solanum lycopersicum* L.) dunyodagi eng muhim sabzavot ekinlaridan biri bo'lib, uning hosildorligi qurg'oqchilik, sho'rlanish va yuqori harorat kabi abiotik stress omillar ta'sirida jiddiy kamayadi. Ushbu tadqiqotda pomidorning qurg'oqchilikka chidamliligini oshirishda genetik, molekulyar va agronomik yondashuvlarning integratsiyasi tahlil qilindi. So'nggi yillarda olib borilgan izlanishlar transkripsion faktorlar (masalan, DREB, NAC, bZIP), ABA biosinteziga aloqador genlar hamda aquaporinlar pomidorning stressga javob mexanizmlarida muhim rol o'ynashini ko'rsatmoqda. Pomidor genomining to'liq sekvenslanishi pennellii introgressiya stressga chidamlilikning genetik asoslarini aniqlash uchun mustahkam poydevor yaratdi. Markerlarga asoslangan seleksiya (MAS) va genom assotsiatsiya tahlili (GWAS) yordamida qurg'oqchilikka javob beruvchi QTL va genlar aniqlanmoqda. Shu bilan birga, CRISPR/Cas9 texnologiyasi pomidor genomini aniq tahrirlash orqali stressga chidamli yangi navlar yaratishda istiqbolli yo'nalish sifatida shakllanmoqda. O'zbekiston sharoitida suv resurslarining cheklanishi fonida bu yondashuvlar pomidor seleksiyasini tezlashtirish va iqlim o'zgarishiga mos barqaror genotiplarni yaratishda muhim ilmiy-amaliy ahamiyat kasb etadi.*

Kalit so'zlar: *Pomidor, qurg'oqchilik, abiotik stress, molekulyar seleksiya, genom tahriri, MAS.*

Genetics of Tomato (*Solanum lycopersicum* L.) and Tolerance to Abiotic Stresses: Modern Approaches and Prospects

Abstract

Tomato (Solanum lycopersicum L.) is one of the most important vegetable crops worldwide, and its productivity is severely affected by abiotic stress factors such as drought, salinity, and high temperatures. This study analyzes the integration of genetic, molecular, and agronomic approaches to enhance drought tolerance in tomato. Recent research highlights the critical roles of transcription factors (e.g., DREB, NAC, bZIP), genes involved in abscisic acid (ABA) biosynthesis, and aquaporins in the plant's response mechanisms to abiotic stresses. The complete sequencing of the tomato genome and the development of Solanum pennellii introgression lines have laid a solid foundation for identifying the genetic basis of stress tolerance. Marker-assisted selection (MAS) and genome-wide association studies (GWAS) are being used to identify QTLs and genes associated with drought response. Moreover, the CRISPR/Cas9 genome-editing technology is emerging as a promising tool for developing new stress-tolerant tomato varieties through precise genome modification. In the context of limited water resources in Uzbekistan, these approaches hold significant scientific and practical potential for accelerating tomato breeding and developing climate-resilient genotypes.

Keywords: *Tomato, drought, abiotic stress, molecular breeding, genome editing, marker-assisted selection (MAS)*

Генетика томата (*Solanum lycopersicum* L.) и устойчивость к абиотическим стрессам: современные подходы и перспективы

Аннотация

Томат (Solanum lycopersicum L.) является одной из важнейших овощных культур в мире, и его урожайность существенно снижается под воздействием абиотических стрессовых факторов, таких как засуха, засоление и высокая температура. В данном исследовании проанализирована интеграция генетических, молекулярных и агрономических подходов для

повышения засухоустойчивости томата. Последние исследования подчеркивают важную роль транскрипционных факторов (например, DREB, NAC, bZIP), генов, связанных с биосинтезом абсцизовой кислоты (ABA), а также аквапоринов в механизмах ответа растения на стресс. Полная секвенция генома томата и интрогрессионные линии *Solanum pennellii* создали прочную основу для выявления генетических основ устойчивости к стрессу. Методы селекции, основанные на маркерах (MAS), и анализ ассоциаций на уровне всего генома (GWAS) используются для идентификации QTL и генов, отвечающих за реакцию на засуху. Кроме того, технология редактирования генома CRISPR/Cas9 рассматривается как перспективный инструмент для создания новых устойчивых к стрессу сортов томата за счёт точного генетического вмешательства. В условиях ограниченных водных ресурсов Узбекистана данные подходы имеют важное научное и практическое значение для ускорения селекции томатов и разработки устойчивых к климатическим изменениям генотипов.

Ключевые слова: Томат, засуха, абиотический стресс, молекулярная селекция, редактирование генома, маркер-ассоциированная селекция (MAS)

Kirish

Pomidor (*Solanum lycopersicum* L.) dunyo miqyosida strategik ahamiyatga ega sabzavot ekini bo'lib, global oziq-ovqat tizimining ajralmas qismiga aylangan. U 170 dan ortiq mamlakatda yetishtiriladi va sabzavotlar orasida eng keng tarqalgan ekin hisoblanadi (8). Pomidor mevalari nafaqat to'g'ridan-to'g'ri iste'mol uchun, balki konserva, ketchup, sharbat va quritilgan mahsulotlar ishlab chiqarishda ham muhim xomashyo sanaladi. So'nggi yillarda global iqlim o'zgarishlari, ayniqsa qurg'oqchilik, pomidor ishlab chiqarishning asosiy cheklovchi omillaridan biri sifatida ko'rilmogda. FAO ma'lumotlariga ko'ra, 2008–2018 yillarda kam rivojlangan mamlakatlarda hosil yo'qotishlarining 34% dan ortig'i qurg'oqchilik bilan bog'liq bo'lib, iqtisodiy zarar 37 milliard AQSh dollarini tashkil etgan.

OECD (9) ma'lumotlariga ko'ra esa, quruq mavsumlarda pomidor hosildorligi o'rtacha 5–22% gacha kamayadi. Bu esa, pomidor uchun qurg'oqchilikka bardoshlilik seleksiyasining strategik ahamiyatini ko'rsatadi.

Pomidor fotosintez, hosil to'planishi va meva sifatining barqarorligi jihatidan murakkab fiziologik tizimga ega. Unda C3 turidagi fotosintez sodir bo'ladi, bu esa suv tanqisligi sharoitida samaradorlikning pasayishiga olib keladi (4). Qurg'oqchilik sharoitida suvning yo'qotilishini kamaytirish uchun pomidor stomatal yopilish, osmoprotektantlar (prolin, glitsin-betain) hosil bo'lishi va antioksidant fermentlar (SOD, CAT, POD) faolligining oshishi orqali javob beradi (7).

Biroq, bu himoya mexanizmlari har doim genetik jihatdan barqaror bo'lavermaydi. Shu sababli, qurg'oqchilikka chidamli genotiplarni yaratish genetik va molekulyar yondashuvlarni talab etadi.

Pomidorning qurg'oqchilikka javobi ko'p komponentli bo'lib, signal uzatish tizimlari, transkripsion faktorlar, va stressga javob beruvchi genlar orqali boshqariladi:

a) Transkripsion faktorlar:

Pomidorda DREB, NAC, MYB, WRKY va bZIP kabi transkripsion faktorlar stress signallarini modulyatsiya qilib, stressga javob genlarini faollashtiradi (14 Zhang et al., 2020). Masalan, SIDREB2 geni suv tanqisligi sharoitida osmoprotektantlarni ko'paytiradi, SINAC1 esa ildiz o'sishini rag'batlantiradi.

b) ABA (Abscissic Acid) signali: Qurg'oqchilik sharoitida ABA biosintezi ortadi va u stomatal yopilishni boshqarib, suvni tejashda muhim rol o'ynaydi

c) Aquaporinlar va suv tashilishi: Pomidor ildizlarida joylashgan SIPIP1;2 va SITIP2;1 genlari suvning hujayra ichiga va tashqarisiga o'tishini tartibga soladi (5).

d) QTL va kandidat genlar: Pomidor genomining to'liq sekvenslanishi (11) natijasida qurg'oqchilikka bog'liq bir nechta QTL (Quantitative Trait Loci) va kandidat genlar aniqlangan. Masalan, *S. pennellii* yovvoyi turi asosidagi introgressiya liniyalarida suv stressiga bardoshlilik genetik asosda isbotlangan (3).

An'anaviy seleksiya fenotipik belgilar asosida olib boriladi, biroq bu usul vaqt talabchan va tashqi omillarga juda bog'liq. Shu sababli, markerlarga asoslangan seleksiya (MAS) texnologiyasi pomidor seleksiyasida inqilobiy yondashuv sifatida qabul qilindi (6).

Markerlarga asoslangan seleksiya (MAS) zamonaviy o'simlik genetikasi va seleksiyasining eng muhim yutuqlaridan biri hisoblanadi. Ushbu yondashuv 1980–1990-yillarda DNK markerlarining (RFLP, SSR, AFLP va SNP) rivojlanishi bilan keng tatbiq etila boshlagan. Dastlab MAS nazariy jihatdan genetik xaritalash va QTL (Quantitative Trait Loci) tahliliga asoslangan bo'lib, maqsadli gen yoki xususiyatni fenotipik kuzatuvsiz, bevosita genotip asosida aniqlash imkonini bergan.

Xu va Crouch (2008) o'z tadqiqotlarida ta'kidlaganidek, marker-assistli seleksiya haqidagi ilmiy nashrlar soni sezilarli darajada oshgan bo'lsa-da, amaliy seleksiya dasturlarida ularning joriy etilishi kutilgan darajada tez kechmayapti. Buning asosiy sababi sifatida mualliflar genotip-fenotip o'zaro ta'sirining murakkabligi, poligen belgilar (masalan, hosildorlik va stressga chidamlilik) bilan ishlashdagi qiyinchiliklar hamda markerlarning iqtisodiy samaradorligini isbotlashdagi cheklovlarni qayd etganlar (Xu & Crouch, 2008).

Mualliflarning fikricha, MAS eng samarali tarzda oddiy, bitta gen tomonidan boshqariladigan belgilar (monogen belgilar) uchun qo'llaniladi, biroq qurg'oqchilik, sho'rlanish va hosildorlik kabi ko'p genli belgilarda uning samaradorligi yuqori aniqlikdagi genotiplash, QTL xaritalari va fenotiplash tizimlarining integratsiyasiga bog'liq. Shu sababli, MAS texnologiyasining muvaffaqiyati — genomik ma'lumotlarning to'liqligi, markerlar tarmoqlanish darajasi va seleksiya tizimining logistik imkoniyatlariga bevosita bog'liqdir.

Xu va Crouch (2008) shuningdek, marker-assistli seleksiyaning kelajakdagi muvaffaqiyati genomik seleksiya (GS), assotsiatsion tahlil (GWAS) va fenomiks kabi texnologiyalar bilan uyg'unlashishida deb hisoblaydilar. Ularning fikricha, bu yondashuvlar seleksiya jarayonini tezlashtirib, klassik seleksiya bilan molekulyar usullar o'rtasida samarali ko'prik yaratadi. Pomidor (*Solanum lycopersicum* L.)

kabi ekinlarda bu yondashuv ayniqsa dolzarbdir, chunki pomidorning qurg'oqchilikka javob reaksiyasi poligen tabiatga ega. Shu sababli, MAS pomidor seleksiyasida QTL asosida marker tanlash, stressga javob beruvchi genlarni aniqlash va genomik seleksiya modellarini ishlab chiqishda keng qo'llanilmoqda (13).

MASning asosiy afzalliklari:

1. Genetik aniqlik: MASda seleksiya gen darajasida olib boriladi. SSR, SNP va AFLP markerlar kerakli genlarga to'g'ridan-to'g'ri bog'langan bo'lib, tanlov aniq va samarali bo'ladi.
2. Vaqt tejamkorlik: An'anaviy usulda seleksiya 6–8 yilgacha cho'zilsa, MAS yordamida bu jarayon 2–3 yilgacha qisqaradi (13).
3. Atrof-muhit ta'siridan mustaqillik: Markerlar DNK asosida aniqlanadi, shu sababli iqlim yoki tuproq sharoitlarining o'zgarishi natijaga ta'sir qilmaydi.
4. Poligen belgilarni tanlash: MAS yordamida hosildorlik, stressga chidamlilik, sifat kabi bir necha belgilarni bir vaqtning o'zida tanlab olish mumkin (10).

Pomidor uchun qo'llanilgan markerlar:

Pomidor seleksiyasida SSR (Simple Sequence Repeat) markerlar eng ko'p ishlatiladi, masalan SSR-76, SSR-92, TGS-9 markerlari qurg'oqchilikka chidamli genotiplarni ajratishda muvaffaqiyat bilan qo'llanilgan (2).

So'nggi yillarda MAS tizimi CRISPR/Cas9 texnologiyasi bilan uyg'unlashtirilmoqda. Bu yondashuv orqali marker yordamida aniqlangan genlar tahrirlanib, stressga bardoshli o'simliklar yaratilmoqda (15).

Masalan, SIMAPK3, SIAREB1, SINCED1 genlarining tahriri natijasida pomidorning suv yetishmovchiligiga chidamliligi sezilarli darajada oshgan (12).

Bu integratsiya "marker orqali aniqlash — CRISPR orqali tahrirlash" tamoyiliga asoslanadi va seleksiya jarayonini yanada tezlashtiradi.

O'zbekiston ilmiy muassasalari — Vegetable, Melon and Potato Research Institute, Toshkent Davlat Agrar Universiteti, hamda Fanlar Akademiyasi Genetika va o'simlik fiziologiyasi instituti — agronomik seleksiya, nav sinovlari va suv rejimlarini optimallashtirish bo'yicha faol ish olib bormoqda (1).

Hozircha molekulyar markerlar yoki CRISPR asosidagi seleksiya tizimlari keng miqyosda joriy etilmagan bo'lsa-da, bu yo'nalishda xalqaro hamkorlik va kadrlar tayyorlash bosqichi boshlanmoqda.

Xulosa

Pomidor (*Solanum lycopersicum* L.) uchun qurg'oqchilik stressiga bardoshlilikni oshirish — kelajakdagi iqlim o'zgarishlariga moslashishda hal qiluvchi omil hisoblanadi. Zamonaviy yondashuvlar, xususan markerlarga asoslangan seleksiya (MAS) va CRISPR/Cas9 texnologiyalarining uyg'unligi, an'anaviy usullar bilan solishtirganda seleksiya jarayonini bir necha barobar tezlashtirmoqda.

O'zbekiston sharoitida esa, bu texnologiyalarni bosqichma-bosqich joriy etish, genetik resurslar bazasini kengaytirish va xalqaro ilmiy hamkorlikni kuchaytirish orqali pomidorning qurg'oqchilikka bardoshlili, hosildorligi va agroekologik barqarorligini sezilarli darajada oshirish mumkin.

Foydalanilgan adabiyotlar

1. Abduvaliyev, R., Karimova, N., & Yusupov, B. (2023). Development of drought-tolerant tomato lines under Uzbekistan conditions. *Uzbek Journal of Plant Science*, 12(4): 45–53.
2. Ashraf, M. A. et al. (2019). Molecular markers associated with drought tolerance in tomato. *Plant Genetic Resources*, 17(3): 256–265.
3. Bolger, A. et al. (2014). The genome of the stress-tolerant wild tomato species *Solanum pennellii*. *Nature Genetics*, 46(9): 1034–1038.
4. Chaves, M. M. et al. (2009). How plants cope with water stress in the field. *Annals of Botany*, 103(4): 547–559.
5. Christophe Maurel , Yann Boursiac , Doan-Trung Luu , Véronique Santoni , Zaigham Shahzad 1, Lionel Verdoucq
6. Collard, B. C. Y. & Mackill, D. J. (2008). Marker-assisted selection: an approach for precision plant breeding. *Phil. Trans. R. Soc. B*, 363: 557–572.

7. Fahad, S. et al. (2017). Plant responses to drought, salinity and extreme temperatures. *Frontiers in Plant Science*, 8:1147.
8. FAO (2023). FAOSTAT: Global Tomato Production Data 2022–2023.
9. OECD (2023). Global Drought Outlook Report.
10. Ribaut, J. M. & Ragot, M. (2007). Marker-assisted selection to improve drought adaptation in maize. *Euphytica*, 157: 161–176.
11. Tomato Genome Consortium (2012). The tomato genome sequence provides insights into fleshy fruit evolution. *Nature*, 485: 635–641.
12. Wang, Y. et al. (2022). CRISPR/Cas9-mediated drought tolerance improvement in tomato. *Plant Cell Reports*, 41: 1323–1334.
13. Xu, Y. & Crouch, J. H. (2008). Marker-assisted selection in plant breeding: from publications to practice. *Crop Science*, 48(2): 391–407.
14. Zhang, H. et al. (2020). Molecular responses of tomato under drought stress. *Plant Physiology and Biochemistry*, 150: 452–465.
15. Zsögön, A. et al. (2018). De novo domestication of wild tomato using genome editing. *Nature Biotechnology*, 36: 1211–1216.