

UO'K 633.491:631.527:577.21

KARTOSHKKA SELEKSIYASIDA GENOMIK SELEKSIYA (GENOMIC SELECTION, GS) USULINI QO'LLASH

Mirzabdullayev G'.N

SPE va KITI Namangan ITS q.x.f.d.,(PhD),

Rahimov E.R

SPE va KITI Namangan ITS direktori,

Xusanov A.K

SPE va KITI Namangan ITS seleksiya va urug'chilik laboratoriya mudiri,

Asadullayev A.R

SPE va KITI Namangan ITS agrotexnologiya va o'simliklar himoyasi laboratoriyasi, mudiri

Annotatsiya: Maqolada kartoshka seleksiyasida genomik seleksiya (GS) usulining ilmiy-metodik asoslari, jahon tajribasi va Namangan ilmiy-tajriba stansiyasida qo'llash imkoniyatlari tahlil qilingan. GS genom bo'ylab zich SNP markerlari asosida klonlarning genomik seleksiya qiymatini (GEBV) fenotipik sinovlardan oldin bashorat qiladi. Tetraploid kartoshkada bashorat aniqligi belgiga qarab 0,06–0,88 ni tashkil etgan, eng yuqori aniqlik kraxmal va quruq modda miqdori bo'yicha olingan. Allel dozasi, dominantlik va genotip $\times$ muhit o'zaro ta'sirini hisobga olish aniqlikni oshiradi. Stansiyada GS ni bosqichma-bosqich joriy etish bo'yicha tavsiyalar berilgan.

Kalit so'zlar: kartoshka, genomik seleksiya, GEBV, SNP markerlar, trening populyatsiyasi, bashorat aniqligi, allel dozasi, GBLUP, genotip $\times$ muhit.

ПРИМЕНЕНИЕ ГЕНОМНОЙ СЕЛЕКЦИИ (GENOMIC SELECTION, GS) В СЕЛЕКЦИИ КАРТОФЕЛЯ

Аннотация: В статье проанализированы научно-методические основы, мировой опыт и возможности применения геномной селекции (ГС) в селекции картофеля на Наманганской научно-опытной станции. ГС на основе плотных полногеномных SNP-маркеров прогнозирует геномную селекционную ценность (GEBV) клонов до фенотипических испытаний. У тетраплоидного картофеля точность прогноза в зависимости от признака составила 0,06–0,88, наибольшая — по содержанию крахмала и сухого вещества. Учёт дозы аллелей, доминирования и взаимодействия генотип $\times$ среда повышает точность. Даны рекомендации по поэтапному внедрению ГС на станции.

Ключевые слова: картофель, геномная селекция, GEBV, SNP-маркеры, обучающая популяция, точность прогноза, доза аллеля, GBLUP, генотип $\times$ среда.

APPLICATION OF GENOMIC SELECTION (GS) IN POTATO BREEDING

Abstract: *The article analyses the methodological foundations, international experience and application potential of genomic selection (GS) in potato breeding at the Namangan Scientific-Experimental Station. Using dense genome-wide SNP markers, GS predicts genomic estimated breeding values (GEBV) of clones before phenotypic trials. In tetraploid potato, prediction accuracy ranged from 0.06 to 0.88 depending on the trait, being highest for starch and dry matter content. Accounting for allele dosage, dominance and genotype $\times$ environment interaction improves accuracy. Recommendations for stepwise implementation of GS at the station are given.*

Keywords: *potato, genomic selection, GEBV, SNP markers, training population, prediction accuracy, allele dosage, GBLUP, genotype $\times$ environment.*

KIRISH

Kartoshka O'zbekistonda asosiy oziq-ovqat ekinlaridan biri bo'lib, 253 ming gektarga ekiladi, o'rtacha hosildorlik gektariga 163 sentnerni tashkil etadi [1]. Shunga qaramay, 2017–2021 yillarda kartoshka importi 193,6 ming tonnadan 547,2 ming tonnagacha oshgan [2].

Shu sababli mahalliy sharoitga moslashgan, yuqori hosilli navlarni tezroq yaratish dolzarb vazifadir.

Kartoshka seleksiyasining asosiy muammosi genetik siljishning sekinligi. Madaniy navlar avtotetraploid ($2n = 4x = 48$), yuqori geterozigotali va vegetativ ko'payadi, an'anaviy seleksiya sikli esa 10–12 yil davom etadi [3]. Hosildorlik, kraxmal miqdori, chips sifati kabi muhim belgilar ko'plab kichik ta'sirli genlar tomonidan boshqariladi va muhitga kuchli bog'liq, shuning uchun ular faqat keyingi klon avlodlarida, ko'p yillik sinovlarda ishonchli baholanadi.

Markerga asoslangan seleksiya (MAS) yirik ta'sirli genlar uchun samarali, ammo poligen belgilar bo'yicha uning imkoniyati cheklangan. Meuwissen va hamkasblari taklif etgan genomik seleksiya (GS) genom bo'ylab joylashgan barcha markerlarni bir vaqtda hisobga olib, har bir nomzodning genomik seleksiya qiymatini (GEBV genomic estimated breeding value) bashorat qiladi [4]. Usul dastlab chorvachilik va donli ekinlarda joriy etilgan bo'lsa [5], so'nggi o'n yillikda tetraploid kartoshkada ham jadal o'rganilmoqda [6, 7]. O'zbekiston sharoitida esa kartoshka seleksiyasida GS ni qo'llash masalasi hali yetarlicha o'rganilmagan.

Maqolaning maqsadi kartoshka seleksiyasida GS usulining ilmiy-metodik asoslari va jahon tajribasini tahlil qilish hamda Namangan ilmiy-tajriba stansiyasi dasturida uni joriy etish imkoniyatlarini asoslash.

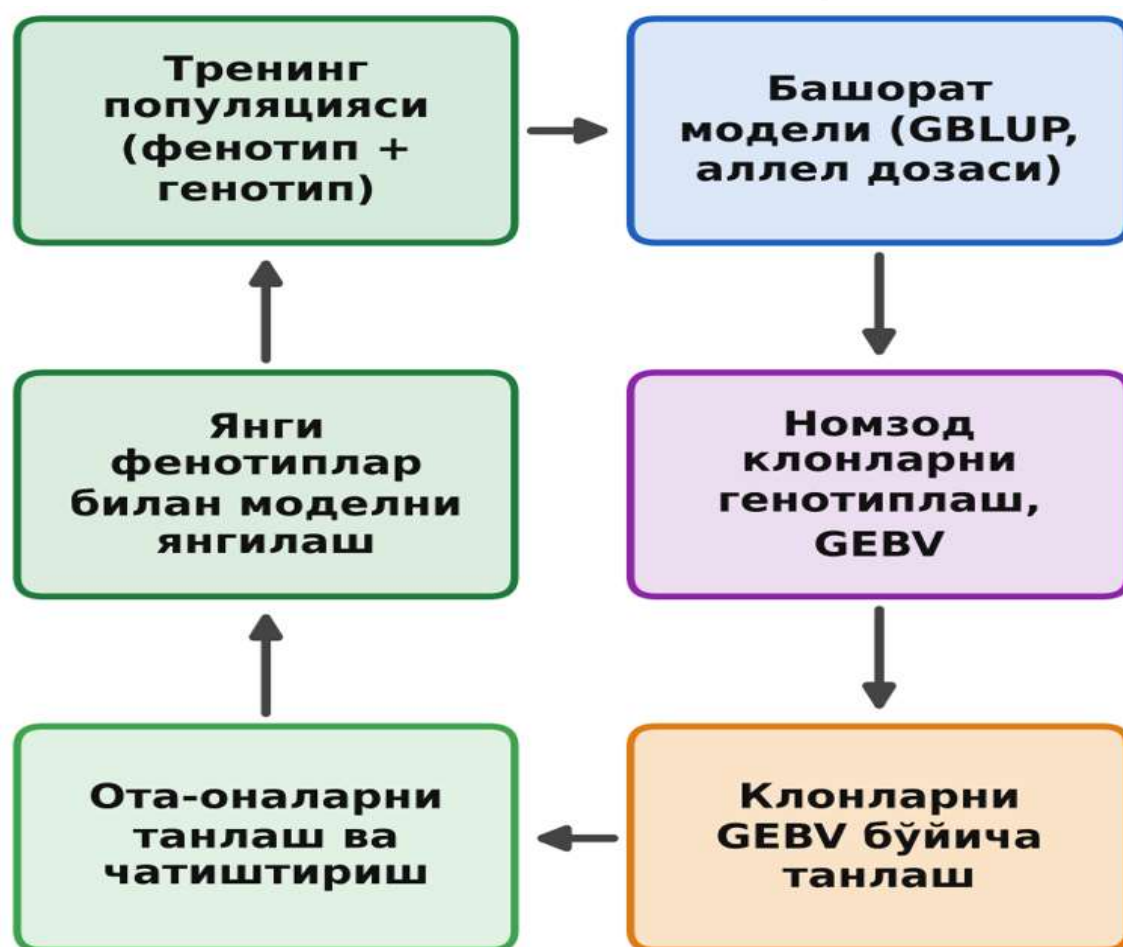
Materiallar va uslublar

Tadqiqot ob'ekti Sabzavot, poliz ekinlari va kartoshkachilik ilmiy-tadqiqot instituti Namangan ilmiy-tajriba stansiyasining kartoshka seleksiyasi dasturidagi navlar kolleksiyasi va istiqbolli seleksiya namunalari. Ishda tetraploid kartoshkada genomik bashorat bo'yicha 2001–2025 yillarda Web of Science, Scopus va Google Scholar bazalarida chop etilgan tadqiqotlar qiyosiy-tahliliy usulda o'rganildi. Har bir

tadqiqot bo'yicha trening populyatsiyasi hajmi, markerlar soni va turi, o'rganilgan belgilar hamda bashorat aniqligi (r bashorat qilingan GEBV va kuzatilgan fenotip o'rtasidagi korrelyatsiya koeffitsienti) tahlil qilindi.

Natijalar va muhokama

GS ning mohiyati va MAS dan farqi. GS jarayoni quyidagi bosqichlardan iborat (1-rasm): fenotip va genotip ma'lumotlariga ega trening populyatsiyasini shakllantirish; marker-fenotip bog'lanishi asosida bashorat modelini (GBLUP, RR-BLUP, Bayes modellari) o'rgatish [8]; genotiplangan nomzod klonlar uchun GEBV ni hisoblash va ular asosida tanlash. MAS dan asosiy farqi — GS oldindan QTL larni aniqlashni talab qilmaydi va kichik ta'sirli genlarning umumiy hissasini ham qamrab oladi (1-jadval).



1-rasm. Kartoshka seleksiyasida genomik seleksiya sikli

1-жадвал.

MAS va GS usullarining qiyosiy tavsifi

Ko'rsatkich	MAS	GS
Markerlar	Bir nechta, gen bilan bog'langan	Minglab SNP, genom bo'ylab
Belgi turi	Monogen (kasallikka chidamlilik)	Poligen (hosildorlik, kraxmal)
QTL ni aniqlash	Zarur	Zarur emas
Tanlash mezon	Marker bor yoki yo'q	GEBV qiymati
Trening populyatsiyasi	Talab qilinmaydi	Zarur

Kartoshkada klonlarni ko'paytirish koeffitsienti past bo'lgani sababli GS sikl davomiyligini qisqartirishdan ko'ra ko'proq klonni genotiplash orqali tanlash

jadalligini oshirish va fenotiplashni istiqbolli nomzodlarga yo'naltirishda samaraliroqdir [6]. MAS va genomik baholangan seleksiya qiymatlarini birgalikda qo'llash seleksiya siklini qisqartirishi ham ko'rsatilgan [9].

Kartoshkada genomik bashorat aniqligi. Tetraploid kartoshkada o'tkazilgan asosiy tadqiqotlar natijalari 2-jadvalda keltirilgan.

2-jadval.

Tetraploid kartoshkada genomik bashorat aniqligi

Tadqiqot	Populyatsiya va markerlar	Belgi: aniqlik (r)
Daniya, 2017	762 avlod + 74 klon; 171 859 SNP	Kraxmal: 0,56; chips sifati: 0,73 (mustaqil panelda 0,30–0,43)
Germaniya, 2018	184 klon; SolCAP 8,3K massiv	Kraxmal: $\approx$ 0,8; fitoftoroz: 0,65–0,8; hosildorlik: $\approx$ 0,5
AQSh, 2018	571 klon; SNP massiv	Hosildorlik, solishtirma og'irlik, chips rangi: 0,06–0,63
Niderlandiya, 2021	147 nav; 39 000 GBS markeri	Quruq modda: 0,77; tuganaklar soni: 0,32
Shvesiya, 2022	169–256 klon; SNP	Kraxmal: 0,60–0,67 (bitta muhit), 0,82–0,88 (ko'p muhit)

2-jadvaldan ko'rinadiki, trening populyatsiyasi ichidagi kross-validatsiyada yuqori irsiylanuvchi sifat belgilari (kraxmal va quruq modda miqdori, chips rangi) bo'yicha bashorat aniqligi 0,56–0,88 ni, hosildorlik va tuganaklar soni bo'yicha esa 0,3–0,5 ni tashkil etadi. Model trening populyatsiyasi ichida tekshirilganda olingan aniqlik mustaqil seleksiya materialida 1,7–1,9 marta pasaygan [10]; demak, trening populyatsiyasi nomzod klonlar bilan genetik jihatdan yaqin bo'lishi kerak.

Aniqlikka ta'sir etuvchi omillar. Birinchidan, allel dozasini hisobga olish muhim: 571 ta klondan iborat populyatsiyada dozasiz modellarda aniqlik o'rtacha 0,13 ga past bo'lgan [7]. Ikkinchidan, kartoshkada noadditiv dispersiya ulushi katta: dominantlikni modelga kiritish tuganaklar soni bo'yicha aniqlikni 0,35 dan 0,41 gacha [11], hosildorlik bo'yicha taxminan 8% ga oshirgan [6]. Uchinchidan, genotip $\times$ muhit o'zaro ta'sirini hisobga oluvchi ko'p muhitli modellar kraxmal miqdori bo'yicha aniqlikni 0,60–0,67 dan 0,82–0,88 gacha ko'targan [12]. To'rtinchidan, 988 ta genotipda model faqat bitta bozor segmenti (chips, fri, osh kartoshka yoki kraxmal) klonlarida o'rgatilganda aniqlik boshqa segmentlar klonlari qo'shilganiga nisbatan yuqori bo'lgan [13].

Genotiplash platformalari. Kartoshkada GS uchun 20K SNP massivi [14] va arzonroq nishonli genotiplash (DARtag, 4 000 nishon) qo'llaniladi: trening populyatsiyasi yuqori zichlikdagi massiv bilan, nomzod klonlar esa arzon panel bilan genotiplanib, ma'lumotlar imputatsiya orqali birlashtiriladi [15]. Diploid duragay seleksiyada esa genom markerlari yordamida gomozigotalikni kuzatish va zararli mutatsiyalarni bartaraf etish orqali inbred liniyalar yaratilmoqda [16].

Namangan ilmiy-tajriba stansiyasi uchun tavsiyalar. Tahlil natijalariga ko'ra, stansiyada GS ni quyidagi bosqichlarda joriy etish maqsadga muvofiq:

1) jahon tajribasidagi 150–600 klonlik populyatsiyalarga tayanib, kamida 150–200 ta nav va seleksiya klonidan iborat trening populyatsiyasini 2–3 yil davomida hosildorlik, kraxmal miqdori, pishish davri va issiqqa chidamlilik bo'yicha baholash;

2) trening populyatsiyasini SNP massivi, nomzod klonlarni esa arzon nishonli panel bilan genotiplash;

3) allel dozasi, dominantlik va genotip $\times$ muhit o'zaro ta'sirini hisobga oluvchi GBLUP modellarini qo'llash;

4) ikkinchi klon avlodidan boshlab GEBV asosida tanlashni fenotipik baholash bilan parallel olib borish va har bir siklda modelni yangilash;

5) kasallikka chidamlilik genlari markerlarini genomik panelga qo'shib, MAS va GS ni bitta tahlilda birlashtirish.

Xulosa

1. Genomik seleksiya poligen belgilar bo'yicha klonlarning seleksiya qiymatini fenotipik sinovlardan oldin bashorat qilish imkonini beradi va MAS ni to'ldiradi.

2. Tetraploid kartoshkada bashorat aniqligi kraxmal, quruq modda miqdori va chips sifati bo'yicha yuqori (kross-validatsiyada 0,56–0,88), hosildorlik va tuganaklar soni bo'yicha o'rtacha (0,3–0,5).

3. Allel dozasi, dominantlik va genotip $\times$ muhit o'zaro ta'sirini hisobga olish hamda trening populyatsiyasini nomzodlar bilan genetik yaqin qilib shakllantirish aniqlikni oshiradi.

4. Namangan ilmiy-tajriba stansiyasida GS ni joriy etish trening populyatsiyasini shakllantirish va ko'p yillik fenotip ma'lumotlarini genotip bilan birga to'plashdan boshlanishi lozim.

ADABIYOTLAR:

1. Uzbekistan aims to boost potato farming and meet domestic demand by 2025 [Electronic resource] // Gazeta.uz. — 2023. — 20 April. — URL: <https://www.gazeta.uz/en/2023/04/20/potato/>

2. Potato imports to Uzbekistan have decreased for the first time in five years [Electronic resource] // PotatoPro. — 2023. — 27 February. — URL: <https://www.potatopro.com/news/2023/potato-imports-uzbekistan-have-decreased-first-time-five-years>

3. Herrera M.R., Jara Vidalon L., Montenegro J.D. et al. Molecular and genetic characterization of the Ryadg locus on chromosome XI from Andigena potatoes conferring extreme resistance to potato virus Y // Theoretical and Applied Genetics. — 2018. — Vol. 131, No. 9. — P. 1925–1938.

4. Meuwissen T.H.E., Hayes B.J., Goddard M.E. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps // *Genetics*. — 2001. — Vol. 157, No. 4. — P. 1819–1829.
5. Crossa J., Pérez-Rodríguez P., Cuevas J. et al. Genomic selection in plant breeding: methods, models, and perspectives // *Trends in Plant Science*. — 2017. — Vol. 22, No. 11. — P. 961–975.
6. Stich B., Van Inghelandt D. Prospects and potential uses of genomic prediction of key performance traits in tetraploid potato // *Frontiers in Plant Science*. — 2018. — Vol. 9. — Art. 159.
7. Endelman J.B., Schmitz Carley C.A., Bethke P.C. et al. Genetic variance partitioning and genome-wide prediction with allele dosage information in autotetraploid potato // *Genetics*. — 2018. — Vol. 209, No. 1. — P. 77–87.
8. VanRaden P.M. Efficient methods to compute genomic predictions // *Journal of Dairy Science*. — 2008. — Vol. 91, No. 11. — P. 4414–4423.
9. Slater A.T., Cogan N.O.I., Hayes B.J. et al. Improving breeding efficiency in potato using molecular and quantitative genetics // *Theoretical and Applied Genetics*. — 2014. — Vol. 127. — P. 2279–2292.
10. Sverrisdóttir E., Byrne S., Sundmark E.H.R. et al. Genomic prediction of starch content and chipping quality in tetraploid potato using genotyping-by-sequencing // *Theoretical and Applied Genetics*. — 2017. — Vol. 130, No. 10. — P. 2091–2108.
11. Wilson S., Zheng C., Maliepaard C. et al. Understanding the effectiveness of genomic prediction in tetraploid potato // *Frontiers in Plant Science*. — 2021. — Vol. 12. — Art. 672417.
12. Ortiz R., Crossa J., Reslow F. et al. Genome-based genotype × environment prediction enhances potato (*Solanum tuberosum* L.) improvement using pseudo-diploid and polysomic tetraploid modeling // *Frontiers in Plant Science*. — 2022. — Vol. 13. — Art. 785196.
13. Thelen K., Wu P.-Y., Baig N. et al. Transferability of genomic prediction models across market segments in potato and the effect of selection // *Theoretical and Applied Genetics*. — 2025. — Vol. 138, No. 9. — Art. 219.
14. Vos P.G., Uitdewilligen J.G.A.M.L., Voorrips R.E., Visser R.G.F., van Eck H.J. Development and analysis of a 20K SNP array for potato (*Solanum tuberosum*): an insight into the breeding history // *Theoretical and Applied Genetics*. — 2015. — Vol. 128. — P. 2387–2401.
15. Endelman J.B., Kante M., Lindqvist-Kreuze H. et al. Targeted genotyping-by-sequencing of potato and data analysis with R/polyBreedR // *The Plant Genome*. — 2024. — Vol. 17, No. 3.
16. Zhang C., Yang Z., Tang D. et al. Genome design of hybrid potato // *Cell*. — 2021. — Vol. 184, No. 15. — P. 3873–3883.