



УДК 635.646:631.52:575.113

**БАҚЛАЖОННИНГ ОЧИҚ МАЙДОНЛАРДА
ЕТИШТИРИШГА МОС F1 ДУРАГАЙЛАРИНИ ЯРАТИШДА
ГЕНОМИК СЕЛЕКЦИЯ (GENOMIC SELECTION) НИ ҚЎЛЛАШ
ТЕХНОЛОГИЯСИ ВА ЮТУҚЛАРИ**

Раҳмонов Шухратбек Хусанбоевич,
қишлоқ хўжалиги фанлари доктори (

PhD), доцент, лаборатория мудири
ORCID ID: 0009-0009-9264-4738

Эсонов Садриддин Олимович,
Сабзавот, полиз экинлари ва

картошқачилик илмий-тадқиқот
институтини Андижон илмий-тажриба станцияси директори
ORCID ID: 0009-0007-7993-8656

Камилов Муроджон Мукумжонович,
Сабзавот, полиз экинлари ва

картошқачилик илмий-тадқиқот
институтини Андижон илмий-тажриба станцияси директори
ўринбосари

ORCID ID: 0009-0006-9445-4485

Абдуллаев Исмоилжон Ибраҳимжонович,
қишлоқ хўжалиги фанлари доктори (PhD),



доцент, лаборатория мудир

ORCID ID: 0000-0003-0222-0763

Сабзавот, полиз экинлари ва картошкачилик илмий-тадқиқот
институту Андижон илмий-тажриба станцияси.

Аннотация. Бақлажон (*Solanum melongena* L.) жаҳон сабзавотчилигида ишлаб чиқариш ҳажми бўйича бешинчи ўринни эгаллайди, бироқ генетик ва геномик ресурслари жиҳатидан Solanaceae оиласининг бошқа экинларидан — помидор ва қалампирдан — сезиларли орқада қолган. Дурагай селекциясидаги асосий методологик муаммо шундаки, ота-она линиялари ўртасидаги генетик масофа бақлажонда дурагай кучини башорат қилиш учун деярли яроқсиз эканлиги диаллел таҳлилларда исботланган. Мазкур мақолада ушбу муаммонинг ечими сифатида геномик селекция (Genomic Selection, GS) технологиясининг саккиз босқичли занжири — таълим популяциясини шакллантиришдан то фенотипланмаган линиялар ва F1 комбинацияларини башорат қилишгача — батафсил ёритилган.

Калит сўзлар: бақлажон, *Solanum melongena*, геномик селекция, GEBV, GBLUP, MAGIC популяцияси, MEGGIC, паст қопламали секвенирлаш (lcWGS), SNP-маркерлар, F1 дурагай, гетерозис, селекция индекси, очиқ майдон.

Abstract. Eggplant (*Solanum melongena* L.) ranks fifth worldwide in vegetable production, yet it lags considerably behind other Solanaceae crops, such as tomato and pepper, in terms of genetic and genomic resources. A key methodological obstacle in hybrid breeding is that genetic distance between parental lines has been shown by diallel analyses to be of limited value for predicting hybrid performance in this crop. As a solution, this paper describes in detail the eight-step technological pipeline of genomic selection (GS), from



the assembly of a training population to the prediction of non-phenotyped lines and F1 combinations.

Keywords: eggplant, *Solanum melongena*, genomic selection, GEBV, GBLUP, MAGIC population, MEGGIC, low-coverage sequencing, SNP markers, F1 hybrid, heterosis, selection index, open field.

КИРИШ.

Замонавий бақлажончиликда F1 дурагайлар етакчи ўринни эгаллайди. Гетерозис ҳисобига ҳосилдорликнинг ошиши, экин майдонининг бир хиллиги ва селекционернинг интеллектуал мулкини ҳимоялаш имконияти уларнинг асосий устунликларидир. Бироқ бақлажон дурагай селекциясида принципиал методологик муаммо мавжуд. Kaushik ва ҳаммуаллифлари ўтказган кенг қамровли диаллел тадқиқотда морфологик жиҳатдан кескин фарқ қилувчи 10 та ота-она (9 та инбред *S. melongena* ва 1 та ёввойи *S. insanum*) ярим диаллел схемада чатиштирилиб, 45 та дурагай олинган ва 7 335 та полиморф SNP-маркер ёрдамида ота-оналар орасидаги генетик масофа ҳисобланган. Дурагайлар гуруҳи ота-оналарга нисбатан ишончли даражада юқори ўсиш кучи ва ҳосилдорлик кўрсатган, умумий ва хусусий комбинацион қобилият (УКҚ ва ХКҚ) кўпчилик белгилар бўйича ишончли бўлган. Аммо ота-оналар орасидаги генетик масофа билан дурагайлар ўртачаси, гетерозис даражаси ёки ХКҚ ўртасида фақат кам сонли ва умуман олганда паст корреляциялар аниқланган. Муаллифларнинг хулосасига кўра, генетик масофа бақлажонда дурагай кучини башорат қилиш учун чекланган қийматга эга [21].

Бу натижа селекционер учун жиддий амалий муаммо туғдиради: n та ота-она линиясидан $n(n-1)/2$ та дурагай комбинацияси ҳосил бўлади



(масалан, 40 та линиядан 780 та комбинация), уларнинг барчасини дала синовидан ўтказиш эса имконсиз, ота-оналарни танлаш учун оддий ва арзон мезон (генетик масофа) эса ишламайди. Демак, дурагай кучини башорат қилишнинг геном бўйлаб маркерларга асосланган, аддитив ва аддитив бўлмаган эффектларни ажрата оладиган усули талаб этилади.

Айнан шундай усул сифатида 2001 йилда Meuwissen, Hayes ва Goddard томонидан таклиф этилган геномик селекция (Genomic Selection, GS) хизмат қилиши мумкин [26]. Унда геном бўйлаб зич жойлашган барча маркерлар олдиндан сигнификантлик бўйича саралашсиз ягона статистик моделга киритилиб, ҳар бир номзоднинг геномик селекция киймати (Genomic Estimated Breeding Value, GEV) ҳисобланади [9, 11]. Технология ғалла ва техника экинларида кенг татбиқ этилган бўлса-да, боғдорчилик ва сабзавотчилик экинларида ҳали чекланган миқёсда қўлланилмоқда [7]. Solanum авлодида GS помидор [12, 34], картошка [13, 30] ва қалампирда [20, 24] муваффақиятли синовдан ўтган, бақлажонда эса биринчи тадқиқот атиги 2026 йилда эълон қилинди [16].

Мазкур мақоланинг мақсади — геномик селекция технологиясининг босқичма-босқич занжирини очиб бериш, бақлажонда сўнгги йилларда қўлга киритилган геномик ва селекцион ютуқларни таҳлил қилиш ҳамда технологияни Ўзбекистоннинг очик майдон бақлажончилигига жорий этиш йўналишларини асослашдан иборат.

ТАДҚИҚОТ МАТЕРИАЛЛАРИ ВА УСУЛЛАРИ

Тадқиқот таҳлилий-назарий характерга эга бўлиб, унда тизимли адабиётлар таҳлили (systematic review) усули қўлланилди. Маълумот манбалари сифатида Web of Science Core Collection, Scopus, PubMed, SpringerLink ва Google Scholar маълумотлар базалари 2001–2026 йиллар оралиғи учун таҳлил қилинди. Қидирув «genomic selection», «genomic prediction», «GEV», «Solanum melongena», «eggplant breeding», «MAGIC



population», «hybrid performance prediction» калит сўзлари ва уларнинг комбинациялари бўйича амалга оширилди.

Манбалар қуйидаги мезонлар бўйича сараланди: (1) рецензияланадиган журналларда чоп этилганлиги; (2) башорат аниқлигининг ёки генетик параметрларнинг миқдорий кўрсаткичлари келтирилганлиги; (3) бақлажон ёки унга яқин *Solanum* турларида бажарилганлиги. Якуний таҳлилга 36 та манба киритилди, шулардан 12 таси бевосита *Solanum melongena* да олиб борилган тадқиқотларга тегишли.

Геномик селекция самарадорлигини баҳолашда селекционер тенгламасининг вақт бирлигига келтирилган шакли ва башорат аниқлигини ирсийланиш коэффициентига мослаштириш ёндашуви [23] назарий асос сифатида қабул қилинди. Технологик занжирни таҳлил қилишда тизимли, моделлар ва натижаларни таққослашда қиёсий-таҳлилий усуллардан фойдаланилди.

НАТИЖАЛАР ВА УЛАРНИНГ ТАҲЛИЛИ

Геномик селекция технологиясининг назарий асоси. Геномик селекция икки популяция билан ишлайди. Таълим популяциясида (training population) ҳар бир генотип ҳам генотипланади, ҳам батафсил фенотипланади; номзодлар популяциясида эса фақат генотип маълумоти олиниб, фенотип модель ёрдамида башорат қилинади.

Бақлажонда қўлланилган чизиқли аралаш модель қуйидаги кўринишга эга [16]:

$$y = X\beta + Z_g u_a + Z_g u_n + e,$$

бу ерда y — фенотипик кузатувлар вектори; β — қатъий эффектлар (тажриба, муҳит, такрорийлик) вектори, X — унга мос дизайн матрицаси;

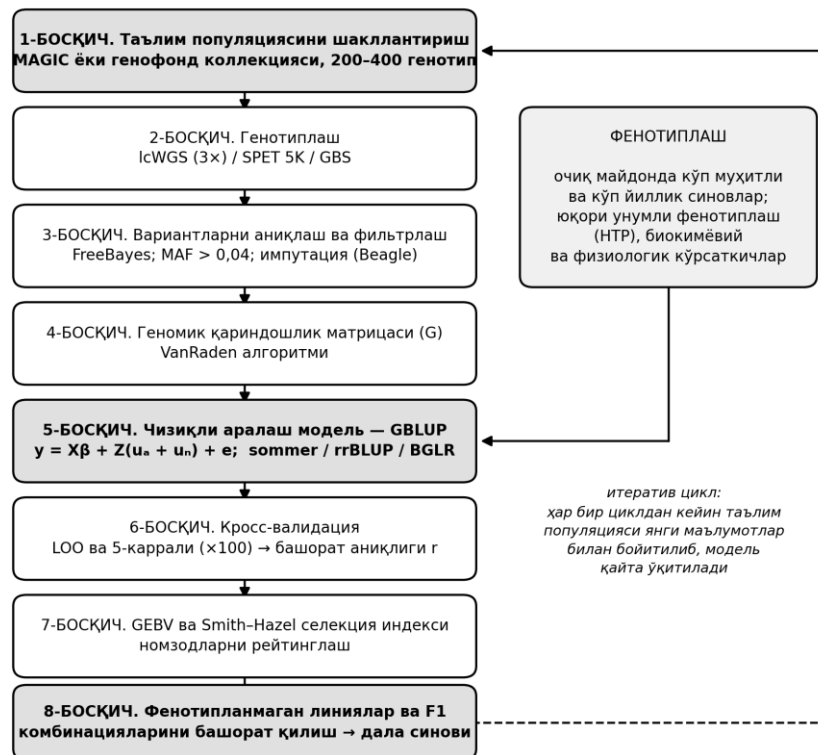


ua — аддитив генетик эффектлар вектори, яъни GEBV қийматлари, $u_a \sim N(0, \sigma^2_a \cdot G)$, бунда G — геномик қариндошлик матрицаси; u_n — G матрица қамраб ололмаган қолдиқ генетик эффектлар; e — қолдиқ хатолик. G матрицаси VanRaden алгоритми бўйича маркер частоталари асосида курилади [33].

Модель сифати икки кўрсаткич билан баҳоланади. Башорат қобиляти (predictive ability) — кросс-валидацияда башорат қилинган ва тузатилган фенотипик қийматлар орасидаги Пирсон корреляцияси. Башорат аниқлиги (prediction accuracy) эса ушбу қийматни топ маънодаги ирсийланиш коэффициентининг квадрат илдизига бўлиш йўли билан олинади [23]. Ирсийланиш коэффициентлари Cullis ва ҳаммуаллифлари таклиф этган, башорат хатолиги дисперсиясига асосланган формулалар бўйича ҳисобланади [10].

Бир нечта белгини бир вақтда яхшилаш зарур бўлганда чизиқли селекция индекси қўлланилади: $I = b'x$, бунда x — белгилар бўйича аддитив генетик эффектлар вектори, b — Смит–Хейзел формуласи $b = P^{-1}Ga$ бўйича ҳисобланадиган индекс коэффициентлари вектори (P ва G — фенотипик ва генетик ковариация матрицалари, a — иқтисодий вазн коэффициентлари) [31]. Айнан шу ёндашув бақлажонда қурғокчиликка чидамли линияларни саралашда қўлланилган [16].

Технологик занжирнинг босқичлари. Геномик селекция технологияси саккиз босқичли кетма-кетликдан иборат бўлиб, унинг умумий схемаси 1-расмда келтирилган.



1-расм. Бақлажон селекциясида геномик селекция технологиясининг босқичма-босқич занжири

1-босқич — таълим популяциясини шакллантириш. Адабиётларда 200 тадан кам генотипдан иборат популяцияда башорат аниқлиги кескин пасайиши таъкидланади. Бақлажонда бу вазифа MAGIC популяцияси ёки хилма-хил генофонд коллекцияси орқали ҳал этилади.

2-босқич — генотиплаш. Бақлажон геноми тахминан 1,1–1,2 Гб ва 12 та хромосомадан иборат [5], яъни қаламбир геномидан ($\approx 3,5$ Гб) уч баробар кичик. Айнан шу биологик хусусият паст қопламали тўлиқ геном секвенирлаш (low-coverage whole-genome sequencing, lcWGS) технологиясини бақлажонда иқтисодий жиҳатдан ўта самарали қилади: $3\times$ қопламада ҳам юз минглаб ишончли SNP-маркер олиш мумкин [4]. Муқобил платформалар — SPET (Single Primer Enrichment Technology) 5K зонд массиви [25] ва GBS.



3-босқич — вариантларни аниқлаш ва филтрлаш. Биаллель SNP лар FreeBayes каби дастурлар билан аниқланиб, гетерозиготалиги юқори, қопламаси паст, мономорф ва маълумоти етишмайдиган позициялар олиб ташланади. Сўнгра Beagle дастурида импутация амалга оширилиб, $MAF > 0,04$ ва маркерлараро минимал масофа мезонлари қўлланилади. Бақлажоннинг MEGGIC популяциясида ушбу иш оқими 293 783 та юқори сифатли SNP-маркер берган [3, 16].

4-босқич — геномик қариндошлик матричасини қуриш. Маркерлар асосида генотиплар ўртасидаги реал (кутилаётган эмас) қариндошлик даражасини акс эттирувчи G матрица шакллантирилади [33].

5-босқич — моделни ўқитиш. Чизикли аралаш модель R муҳитида sommer [8], rrBLUP [14] ёки BGLR [27] пакетлари ёрдамида баҳоланади. Барчаси очик кодли ва бепул дастурий воситалар бўлиб, бу технологиянинг молиявий тўсиғини сезиларли пасайтиради.

6-босқич — кросс-валидация. Икки схема қўлланилади: биттасини қолдириб текшириш (leave-one-out, LOO) ва беш қаррали кросс-валидация (одатда 100 марта такрорланади). Иккала усул бақлажонда мос натижа берган (корреляция $r = 0,94$) [16].

7-босқич — GEBV ва селекция индексини ҳисоблаш. Ҳар бир номзод учун GEBV, кўп белгили танлашда эса Смит–Хейзел индекси ҳисобланиб, генотиплар рейтингланади.

8-босқич — башорат ва дала синов. Фенотипланмаган линиялар ёки ҳали яратилмаган F1 комбинациялари башорат қилиниб, энг юқори рейтингдагилар реал синовга қўйилади. Синов натижалари таълим популяциясига қўшилиб, цикл такрорланади.

3. Бақлажоннинг геномик ресурслари: сўнги йиллар ютуқлари



Геномик селекциянинг бақлажонда амалга ошиши учун зарур инфратузилма сўнгги ўн йилликда изчил яратилди. Айниқса кўп ота-онали кетма-кет чатиштириш (MAGIC) популяциялари муҳим роль ўйнади: улар бир вақтнинг ўзида ҳам генетик таҳлил воситаси, ҳам юқори рекомбинация даражасига эга селекция материали бўлиб хизмат қилади [1]. Асосий ресурслар 1-жадвалда умумлаштирилган.

1-жадвал.

Бақлажон селекциясининг геномик ресурслари ва тажриба популяциялари

Ресурс	Қисқача тавсифи	Селекциядаги аҳамияти	Манба
Референс геном	Хромосомаларга боғланган йиғилма; 12 та хромосома, ~1,1–1,2 Гб	Маркерларни физик харитага боғлаш, номзод генларни излаш	[5]
Такмиллаштирилган йиғилма ва пангеном	Ёввойи қариндошлар билан қиёсий геном таҳлили	Хонакилаштириш ва селекция изларини аниқлаш, аллеллар хилма-хиллиги	[6]
S. incanum интрогрессия линиялари	S. melongena фонида ёввойи тур геном сегментлари	Топ генетик базани кенгайтириш,	[18]



		абиотик стресс генлари манбаи	
S3MEGGIC MAGIC популяцияси	8 та ота-она (7 та S. melongena + 1 та S. incanum), 420 та S3 ўсимлик, SPET 5K, 7 724 SNP	GWAS; антоциан ва хлорофилл пигментацияси генлари	[25], [2]
MEGGIC (S5) популяцияси	325 та юкори инбред линия, lcWGS 3×, 293 783 SNP	Геномик селекция учун таълим популяцияси; SmLBD13 (илдиз морфологияси)	[3]
lcWGS иш оқими	Паст қопламали секвенирлаш протоколининг эталон синови	Генотиплаш таннархини кескин камайтириш	[4]
Диаллел популяция	10 та ота-она × 45 та F1 дурагай, 7 335 SNP	УКҚ/ХКҚ ва гетерозисни таҳлил қилиш	[21]

Ушбу ресурслар негизида бир қатор амалий аҳамиятга эга генлар аниқланди: мева пўстидаги хлорофилл пигментациясини бошқарувчи SmAPRR2 транскрипция омили (8-хромосома) [2], антоциан тўпланиши билан боғлиқ локуслар (асосан 10-хромосома) [25] ҳамда илдиз морфологиясини назорат қилувчи SmLBD13 гени [3]. Бу — GS



моделларига қатъий эффект сифатида киритилиши мумкин бўлган маркерлар манбаидир.

Бақлажонда геномик селекциянинг биринчи амалий қўлланиши.

2026 йилда Flores-Saavedra ва ҳаммуаллифлари томонидан бақлажон учун биринчи геномик селекция тадқиқоти эълон қилинди [16]. Унда MEGGIC популяциясидан Core Hunter 3 дастури ёрдамида танлаб олинган 184 та MAGIC линияси ва 8 та ота-она линияси сув танқислиги шароитида баҳоланди. Ўсимликлар 14 кун давомида дала намлик сифимининг 100 фоизда суғорилиб, сўнгра 21 кун мобайнида 30 фоиз даражасида стрессга дучор этилди. Стрессни индукциялашнинг ушбу услубияти шу гуруҳнинг аввалги, MAGIC популяцияси ота-оналари, уларнинг F1 дурагайлари ва рекомбинант инбред линиялари устида ўтказилган тадқиқотида синовдан ўтган эди [15].

2-жадвал.

MEGGIC популяциясида селекция индексига киритилган белгилар бўйича геномик башорат аниқлиги

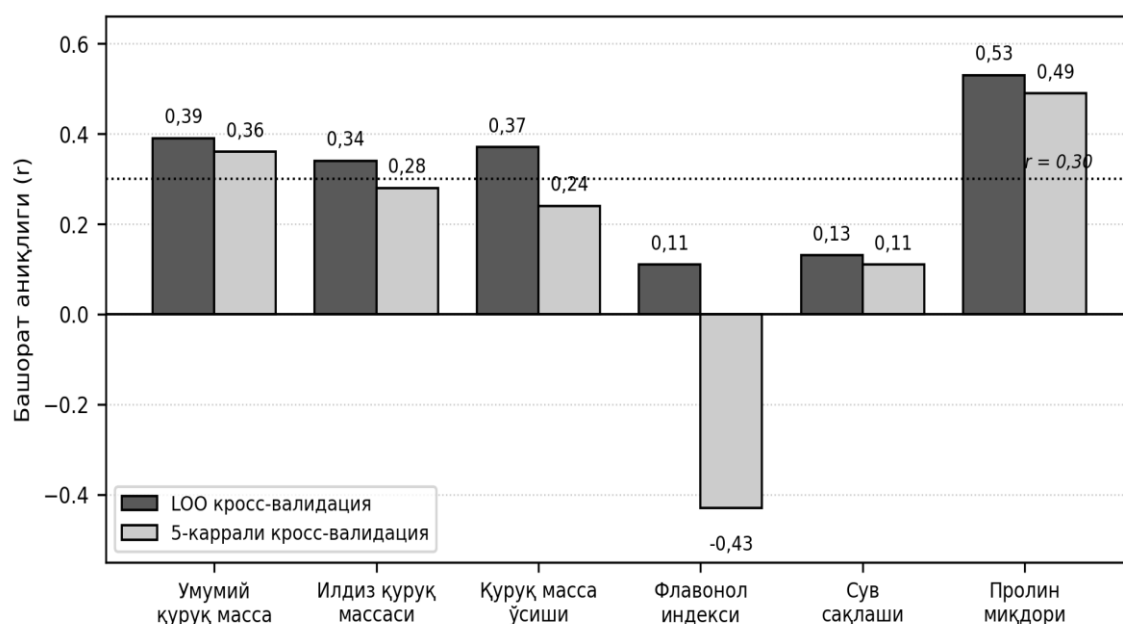
Белги	LOO кросс-валидация	5-каррали кросс-валидация	Баҳо
Пролин микдори (Pro)	0,53	0,49	Юқори; ишончли башорат
Умумий курук масса (Total DW)	0,39	0,36	Ўртача; амалда яроқли



Стресс даврида қуруқ масса ўсиши	0,37	0,24	Ўртача; барқарорлиги паст
Илдиз қуруқ массаси (Root DW)	0,34	0,28	Ўртача; амалда яроқли
Умумий сув сақлаши (Total WC)	0,13	0,11	Паст; башорат самарасиз
Флавонол индекси (Flav)	0,11	–0,43	Ишончсиз; модель мос эмас

Изоҳ: индексга кирмаган белгилардан барг қуруқ массаси, илдиз сув сақлаши, хлорофилл индекси, азот баланси индекси ва поя қуруқ массасининг ўсиши бўйича ҳам башорат аниқлиги 0,40 дан юқори бўлган.

Натижалар икки муҳим хулосага олиб келади. Биринчидан, $r \geq 0,30$ даражасидаги аниқлик селекция дастурида амалий фойда бериш учун етарли ҳисобланади [7], демак бақлажонда GS ишлайди. Иккинчидан, аниқлик белгидан белгига кескин фарқ қилади: пролин каби аниқ биокимёвий кўрсаткичлар яхши башорат қилинса, флавонол индекси ва сув сақлаши каби, аддитив дисперсияси паст ва муҳит шовқини юқори бўлган белгилар бўйича модель ишламайди. Бу — GS ни «универсал ечим» сифатида эмас, балки ҳар бир белги учун алоҳида валидация талаб қиладиган восита сифатида қабул қилиш зарурлигини кўрсатади.



2-расм. Бақлажоннинг MEGGIC MAGIC популяциясида селекция индексига киритилган белгилар бўйича геномик башорат аниқлиги (Flores-Saavedra ва ҳаммуаллифлари [16] маълумотлари асосида тузилган)

Қиёс учун: арпанинг MAGIC популяциясида ҳосилдорлик каби мураккаб белги бўйича башорат қобилияти 0,60 гача етган [28], вигнанинг (*Vigna unguiculata*) MAGIC популяциясида эса сув танқислиги шароитида, худди бақлажондаги каби, ўртача ва паст аниқликлар қайд этилган [29]. Демак, олинган кўрсаткичлар ушбу тоифадаги тадқиқотлар учун типикдир.

Алоҳида таъкидлаш жоизки, ирсийланиш коэффиценти паст белгилар айнан геномик селекциядан энг кўп фойда кўради, зеро уларда фенотипик танлаш умуман самарасиздир [30]. Мазкур тадқиқотда стресс даврида ўсиш билан боғлиқ белгиларда H^2 0,30 дан паст бўлган ҳолда ҳам GS уларни маълум даражада башорат қила олган.



Дурагай кучини башорат қилишда геномик селекциянинг истиқболи. Юқорида қайд этилганидек, бақлажонда ота-оналар орасидаги генетик масофа дурагай кучини башорат қилиш учун яроқсиз бўлиб чиққан [21]. Бунинг сабаби методологик: генетик масофа — бу бутун геномни битта скаляр сонга сиқувчи умумлаштирувчи кўрсаткич бўлиб, у қайси локусда қандай аллел борлигини ва унинг таъсир йўналишини ҳисобга олмайди. Геномик селекция эса ҳар бир маркернинг эффектини алоҳида баҳолайди ва шу боис генетик масофа қўлдан бой берадиган ахборотни сақлаб қолади.

Дурагайлар учун модель аддитив эффектлар билан чекланмаслиги керак:

$$y_{ij} = \mu + a_i + a_j + d_{ij} + e_{ij},$$

бу ерда a_i ва a_j — ота ва она линияларининг аддитив эффектлари (УКҚ билан боғлиқ), d_{ij} — доминант эффект, яъни ХКҚ нинг генетик асоси. González-Diéguez ва ҳаммуаллифлари зич маркерлар ёрдамида ХКҚ ни доминантлик ва гуруҳлараро эпистаз ташкил этувчиларига ажратиш мумкинлигини кўрсатган [17]. Kaushik ва ҳаммуаллифларининг диаллел таҳлилида УКҚ/ХКҚ нисбати белгидан белгига кенг доирада ўзгаргани [21] айнан аддитив бўлмаган эффектларнинг бақлажонда муҳим роль ўйнашидан далолат беради — демак доминантлик компонентини моделга киритиш зарур.

Бақлажонда F1 дурагайлар учун геномик башорат тадқиқоти ҳали ўтказилмаган. Аммо яқин экинлардаги тажриба истиқбол борлигини кўрсатади. Қалампирда Kondo ва ҳаммуаллифлари фақат ота-она линияларининг генотипи асосида F1 авлод генотипини тиклаб, мева белгиларини имитация қилишган ва башорат қилинган ҳамда кузатилган қийматлар ўртасида $r = 0,833-0,908$ корреляция олишган [22].



Кулуннайда F1 дурагай селекцияси учун GS самарадорлиги тасдиқланган [35], буғдой дурагайларида ҳам ижобий натижалар олинган [36]. Бу ёндашувни бақлажонга кўчириш — соҳанинг энг устувор илмий вазибаларидан биридир.

Очиқ майдон шароити учун устувор белгилар. Белгиларнинг генетик назорат тури турлича бўлганлиги учун GS ва MAS ни интеграциялашган ҳолда қўллаш тавсия этилади (3-жадвал).

3-жадвал.

Очиқ майдонга мослашган бақлажон F1 дурагайлари учун устувор белгилар ва тавсия этиладиган ёндашув

Белгилар гуруҳи	Асосий белгилар	Генетик назорат тури	Тавсия этилган ёндашув
Ҳосилдорлик	Ўсимликдаги ялпи ҳосил, мева сони, товар ҳосил улуши	Полиген, ирсийланиши паст–ўртача	GS (кўп муҳитли модель)
Мева сифати	Мева массаси, шакли, узунлиги ва эни, эт зичлиги	Полиген, ирсийланиши юқори	GS; GWAS маркерлари қатъий эффект сифатида
Мева ранги ва пигментация	Пўст антоциани, хлорофилл пигментацияси,	Олигоген (SmAPRR2, MYB генлари)	MAS [2, 25]



	косача остидаги пигментация		
Абиотик стрессга чидамлилик	Қурғоқчилик, тупрок шўрланиши ва иссиқликка чидамлилик; илдиз тизимининг ривожланиши	Полиген, ирсийланиши паст, $G \times E$ юқори	GS + индекс селекция [16]
Касалликларга чидамлилик	Verticillium dahliae, Fusarium oxysporum, Ralstonia solanacearum	Олигоген + полиген қисм	MAS + GS интеграцияси
Зараркунандаларга бардошлилик	Колорадо кўнғизи, ўргимчаккана	Полиген	GS (юқори унумли фенотиплаш билан)
Технологик ва биокимёвий	Тиканлилик, мева этининг қорайиши, фенол бирикмалари, транспортабеллик	Полиген ва олигоген	GS (кўп белгили индекс) + MAS

Чекловлар ва ҳал этилиши зарур масалалар. Технологиянинг ҳолатини объектив баҳолаш талаб этилади. Биринчидан, бақлажонда геномик селекция бўйича бор-йўғи битта тадқиқот мавжуд бўлиб [16], у



хам вегетацион идишларда, назорат остидаги шароитда бажарилган; очик майдонда, тўлиқ вегетация давомида ва ҳосилдорлик белгилари бўйича валидация ҳали ўтказилмаган.

Иккинчидан, олинган башорат аниқликлари ўртача даражада (0,11–0,53) бўлиб, айрим белгилар бўйича нолга яқин ёки манфий қийматлар қайд этилган. Бунинг сабаблари — аддитив дисперсиянинг пастлиги, муҳит шовқини ва модельнинг белги генетик архитектурасига мос келмаслигидир.

Учинчидан, маданий бақлажоннинг генетик базаси тор бўлганлиги таълим популяциясидаги генетик хилма-хилликни чеклайди; бу муаммо ёввойи қариндошларни жалб этиш орқали ҳал этилмоқда, аммо интрогрессия материалида боғланиш блокларининг бузилиши модель сифатига таъсир кўрсатиши мумкин [3, 18].

Тўртинчидан, F1 дурагайлар учун аддитив ва доминант эффектларни бирлаштирган башорат моделлари бақлажонда синовдан ўтказилмаган — бу соҳадаги энг катта илмий бўшлиқдир. Ниҳоят, технология биоинформатика ва миқдорий генетика соҳасида тайёргарликка эга кадрларни талаб қилади.

ХУЛОСА

1. Бақлажон дурагай селекциясининг асосий методологик тўсиғи — ота-она линиялари орасидаги генетик масофанинг дурагай кучини башорат қилиш учун яроқсизлиги. Геномик селекция ҳар бир маркер эффектини алоҳида баҳолагани учун бу тўсиқни принципиал жихатдан бартараф этади.

3. Бақлажон геноми (~1,1–1,2 Гб) қалампир геномидан уч баробар кичик бўлганлиги паст қопламали тўлиқ геном секвенирлашни (lcWGS, 3×) иқтисодий жихатдан энг мақбул генотиплаш платформасига



айлантиради; ушбу иш оқими 293 783 та ишончли SNP-маркер бериши тасдиқланган.

АДАБИЁТЛАР РЎЙХАТИ

1. Arrones A., Vilanova S., Plazas M. et al. The dawn of the age of multi-parent MAGIC populations in plant breeding: novel powerful next-generation resources for genetic analysis and selection of recombinant elite material // *Biology (Basel)*. – 2020. – Vol. 9, No. 8. – Article 229.
2. Arrones A., Mangino G., Alonso D. et al. Mutations in the SmAPRR2 transcription factor suppressing chlorophyll pigmentation in the eggplant fruit peel are key drivers of a diversified colour palette // *Frontiers in Plant Science*. – 2022. – Vol. 13. – Article 1025951.
3. Arrones A., Baraja-Fonseca V., Solana A. et al. Resequencing and phenotyping of the first highly inbred eggplant multiparent population reveal SmLBD13 as a key gene associated with root morphology // *Horticulture Research*. – 2025. – uhaf167. – doi:10.1093/hr/uhaf167.
4. Baraja-Fonseca V., Arrones A., Vilanova S. et al. Benchmarking of low coverage sequencing workflows for precision genotyping in eggplant // *BMC Plant Biology*. – 2025. – Vol. 25, No. 1. – Article 1125.
5. Barchi L., Pietrella M., Venturini L. et al. A chromosome-anchored eggplant genome sequence reveals key events in Solanaceae evolution // *Scientific Reports*. – 2019. – Vol. 9. – Article 11769.
6. Barchi L., Rabanus-Wallace M.T., Prohens J. et al. Improved genome assembly and pan-genome provide key insights into eggplant domestication and breeding // *The Plant Journal*. – 2021. – Vol. 107, No. 2. – P. 579–596.



7. Budhlakoti N., Kushwaha A.K., Rai A. et al. Genomic selection: a tool for accelerating the efficiency of molecular breeding for development of climate-resilient crops // *Frontiers in Genetics*. – 2022. – Vol. 13. – Article 832153.
8. Covarrubias-Pazarán G. Genome-assisted prediction of quantitative traits using the R package sommer // *PLoS ONE*. – 2016. – Vol. 11, No. 6. – e0156744.
9. 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.
10. Cullis B.R., Smith A.B., Coombes N.E. On the design of early generation variety trials with correlated data // *Journal of Agricultural, Biological, and Environmental Statistics*. – 2006. – Vol. 11, No. 4. – P. 381–393.
11. Desta Z.A., Ortiz R. Genomic selection: genome-wide prediction in plant improvement // *Trends in Plant Science*. – 2014. – Vol. 19, No. 9. – P. 592–601.
12. Duangjit J., Causse M., Sauvage C. Efficiency of genomic selection for tomato fruit quality // *Molecular Breeding*. – 2016. – Vol. 36. – Article 29.
13. Enciso-Rodríguez F., Douches D., Lopez-Cruz M. et al. Genomic selection for late blight and common scab resistance in tetraploid potato (*Solanum tuberosum*) // *G3: Genes, Genomes, Genetics*. – 2018. – Vol. 8, No. 7. – P. 2471–2481.