ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ И БИОХИМИЧЕСКИЕ ПРИЗНАКИ ДИКОРАСТУЩИХ ВИДОВ ALLIUM: ПЕРСПЕКТИВЫ ИНТЕГРАТИВНОГО ИССЛЕДОВАНИЯ ALLIUM CASPIUM В ЦЕНТРАЛЬНОЙ АЗИИ

Muallif**: Атажанова Зубайда Сулеймановна**
E-mail: info@aknuk.uz

Аннотация

В работе рассматривается перспектива комплексного изучения генетического разнообразия и биохимических характеристик дикорастущих представителей рода Allium с особым вниманием к Allium caspium. Современные исследования показывают, что виды данного рода различаются не только по отдельным фитохимическим показателям, но и по генетической структуре. В связи с этим изучение химических компонентов без учёта генетических и экологических факторов может ограничивать интерпретацию межпопуляционных различий. В качестве перспективного направления предлагается интеграция молекулярных маркеров, количественного анализа биологически активных соединений и сведений об условиях произрастания. Для A. caspium, произрастающего в Центральной Азии, такой подход может помочь определить, связаны ли различия в биохимических характеристиках с генетической структурой популяций или с экологическими условиями. Работа представляет концептуальную основу будущего исследования и не претендует на представление экспериментальных результатов, которые ещё не были получены.

Ключевые слова: Allium caspium, генетическое разнообразие, молекулярные маркеры, биохимические признаки, дикие растения, популяционная структура, Центральная Азия.

GENETIC DIVERSITY AND BIOCHEMICAL TRAITS OF WILD ALLIUM SPECIES: PROSPECTS FOR AN INTEGRATIVE STUDY OF ALLIUM CASPIUM IN CENTRAL ASIA

Abstract

This paper explores an integrative approach to investigating genetic diversity and biochemical traits in wild Allium species, with particular attention to Allium caspium. Recent studies indicate that species within the genus differ in both biochemical characteristics and genetic structure. Consequently, chemical comparisons conducted without considering genetic and environmental factors may provide an incomplete explanation of differences between populations. An integrated research framework combining molecular markers, quantitative analysis of bioactive compounds and environmental data is proposed. For A. caspium in Central Asia, this approach could help investigate whether variation in biochemical traits is associated with population genetic structure, environmental conditions or interactions between these factors. The paper provides a conceptual framework for future research rather than reporting new experimental results.

Keywords: Allium caspium, genetic diversity, molecular markers, biochemical traits, wild plants, population structure, Central Asia.

YOVVOYI ALLIUM TURLARINING GENETIK XILMA-XILLIGI VA BIOKIMYOVIY XUSUSIYATLARI: MARKAZIY OSIYODA ALLIUM CASPIUM TURINI INTEGRATIV O‘RGANISH ISTIQBOLLARI

Аннотация

© 2026 International Conference on Artificial Intelligence and Applications . All Rights Reserved.

Tezisda yovvoyi Allium turlarining genetik xilma-xilligi va biokimyoviy xususiyatlarini kompleks o‘rganish istiqbollari, xususan, Allium caspium turiga e’tibor qaratiladi. Zamonaviy tadqiqotlar ushbu turkum vakillari genetik tuzilishi hamda biokimyoviy ko‘rsatkichlari bo‘yicha farqlanishini ko‘rsatmoqda. Shu sababli kimyoviy tarkibni genetik va ekologik omillardan ajratilgan holda tahlil qilish populyatsiyalar o‘rtasidagi tafovutlarni to‘liq izohlash uchun yetarli bo‘lmasligi mumkin. Tezisda molekulyar markerlar, biologik faol moddalarni miqdoriy aniqlash va o‘sish sharoitlariga oid ma’lumotlarni birlashtiruvchi tadqiqot yondashuvi taklif etiladi. Ushbu yondashuv A. caspium populyatsiyalaridagi biokimyoviy farqlarning genetik tuzilish, ekologik sharoit yoki ularning o‘zaro ta’siri bilan bog‘liqligini kelgusida tekshirish imkonini beradi. Ish yangi tajriba natijalarini emas, balki kelajakdagi tadqiqot uchun konseptual asosni taqdim etadi.

Kalit so‘zlar: Allium caspium, genetik xilma-xillik, molekulyar markerlar, biokimyoviy belgilar, yovvoyi o‘simliklar, populyatsion tuzilish, Markaziy Osiyo.

Введение

Дикорастущие представители рода Allium представляют интерес как источники генетического разнообразия и специфических биохимических признаков. Их исследование важно не только для характеристики природных ресурсов, но и для понимания механизмов формирования химических особенностей растений в различных экологических условиях.

В исследовании, опубликованном в журнале Heliyon в 2024 году, для анализа генетического разнообразия представителей Allium использовались SSR-маркеры. Авторы продемонстрировали возможность выявления генетических различий между исследованными образцами и выделения групп на основе молекулярных данных [1]. В 2025 году было опубликовано исследование биохимического разнообразия представителей рода, включавшее анализ фенольных соединений, флавоноидов, серосодержащих компонентов и других показателей [2].

Эти исследования показывают, что генетические и биохимические характеристики могут рассматриваться как взаимодополняющие направления изучения растительного разнообразия. Однако результаты, полученные на других видах Allium, не позволяют заранее утверждать, что конкретные закономерности уже установлены для A. caspium.

Цель работы — обосновать интегративный подход к исследованию генетической структуры и биохимических характеристик A. caspium с учётом перспектив изучения популяций Центральной Азии.

Материалы и методы

Работа представляет собой аналитический обзор и концептуальную разработку будущего исследования. Рассматриваются публикации по молекулярному анализу генетического разнообразия Allium, сравнительной оценке биохимических признаков и характеристике A. caspium.

Предлагаемый дизайн дальнейшего исследования включает три взаимосвязанных блока:

1. **Генетический блок:** выбор подходящих молекулярных маркеров и оценка генетического разнообразия образцов из документированных популяций.
2. **Биохимический блок:** стандартизированный анализ заранее выбранных групп соединений с использованием подходящих аналитических методов и контрольных образцов.
3. **Экологический блок:** регистрация условий произрастания, фенологической стадии и других характеристик мест сбора.

Полученные в будущем данные можно будет сопоставить с применением многомерных статистических методов. При этом необходимо различать корреляцию и причинно-следственную связь: обнаруженная ассоциация между генетическим маркером и химическим

© 2026 International Conference on Artificial Intelligence and Applications . All Rights Reserved.

показателем сама по себе не доказывает причинного влияния данного маркера на синтез соединения.

Результаты и обсуждение

Анализ современных публикаций позволяет выделить несколько перспективных аспектов интегративного исследования.

Во-первых, молекулярные маркеры могут применяться для оценки генетических различий между популяциями и отдельными образцами. Исследование SSR-маркеров у представителей Allium демонстрирует возможность использования молекулярных данных для изучения структуры генетического разнообразия [1].

Во-вторых, количественное определение биохимических показателей позволяет выявлять различия в накоплении отдельных групп соединений. Исследование 2025 года показало существенную вариабельность биохимических признаков между изученными представителями рода Allium [2]. Однако значения, полученные для других видов, не следует переносить на A. caspium без прямого анализа.

В-третьих, объединение генетических, химических и экологических данных создаёт возможность проверить несколько конкурирующих объяснений наблюдаемых различий. Например, различия в содержании определённого соединения могут быть связаны с генетической структурой, условиями произрастания, стадией развития растения или сочетанием этих факторов.

Для A. caspium из Центральной Азии перспективным является сравнительное исследование нескольких популяций с подтверждённой таксономической принадлежностью. Его научная ценность будет заключаться в установлении фактических закономерностей, а не в предварительном предположении о превосходстве одной популяции над другой.

Заключение

Интеграция генетического и биохимического анализа представляет перспективное направление исследования дикорастущих видов Allium. Опубликованные работы подтверждают возможность отдельного изучения генетического разнообразия и межвидовых биохимических различий, но их совместный анализ применительно к популяциям A. caspium Центральной Азии требует дальнейших исследований.

Предлагаемый подход предусматривает молекулярную характеристику образцов, количественный анализ выбранных биохимических показателей и документирование экологических условий. Реализация такого дизайна позволит получить более полное представление о разнообразии A. caspium и сформировать научную основу для последующих сравнительных и природоохранных исследований.

Список литературы

1. Deciphering genetic diversity phylogeny and assembly of Allium species through microsatellite markers on nuclear DNA // Heliyon. 2024. Vol. 10, No. 11. Article e31650. DOI: https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2024.e31650.
2. Benke A. P., Mokat D., Mahajan V. et al. Biochemical diversity in Allium species: key metabolite profiles for breeding and bioprospecting // Frontiers in Plant Science. 2025. Vol. 16. DOI: https://doi.org/10.3389/fpls.2025.1618572.
3. Jedelská J. Pharmaceutical Value of Onions (Allium L.) and Related Species of Central Asia. Dissertation. Philipps-Universität Marburg, 2007. URL: https://archiv.ub.uni-marburg.de/diss/z2007/0404/pdf/djj.pdf.
4. Abdullaeva A. T., Rakhimova N. K., Duschanova G. M., Temirov E. E. Comparative Study of the Anatomical Structure of Some Vegetative Organs Allium caspium (Pall.) M. Bieb. and Allium tschimganicum B. Fedtsch. ex Popov Growing in Natural Conditions of Uzbekistan // American Journal of Plant Sciences. 2020. Vol. 11. P. 1398–1404. DOI: https://doi.org/10.4236/ajps.2020.119100.

© 2026 International Conference on Artificial Intelligence and Applications . All Rights Reserved.