

**O‘ZBEKISTON RESPUBLIKASI OLIY VA O‘RTA MAXSUS
TA‘LIM VAZIRLIGI**

NAMANGAN DAVLAT UNIVERSITETI

TABIIY FANLAR FAKULTETI

BIOLOGIYA KAFEDRASI

**«DNK MARKERLARI YORDAMIDA G‘OZANING
G.HIRSUTUM TURI FILOGENETIK QARINDOSHLIGINI
ANIQLASH»**

MAVZUSIDAGI

BITIRUV MALAKAVIY ISH

Bajardi: «5140100-Biologiya» ta‘lim yo‘nalishi
bitiruvchi 4-kurs talabasi Dolimov A.

Rahbar:  Kishonov F.



Bitiruv malakaviy ishi kafedradan dastlabki himoyadan o‘tdi. Kafedraning__ sonli
bayonnomasi. «__» _____2019 yil.

M U N D A R I J A

KIRISH.....	3
I.BOB. ADABIYOTLAR SHARHI.....	5
1.1. DNK markerlari yordamida g'o'zaning qimmatli xo'jalik belgilarini molekulyar-genetik kartalashtirish.....	5
1.2. DNK markerlarining turlari.....	11
1.3. O'zbekiston g'o'za seleksiyasida markerlarga asoslangan seleksiya (MAS) usulining ahamiyati.....	14
2.BOB. ISHNI OLIB BORISH USULLARI VA MATERIALLAR.....	22
2.1.O'simlik to'qimasidan genom DNKsini ajratish.....	22
2.2. Polimeraza zanjir reaksiyasi.....	26
2.3. Elektroforez usuli yordamida DNK va PZR mahsulotlarini tekshirish.....	28
3.BOB.OLINGAN NATIJALAR VA ULARNING TAHLILI	32
3.1. G'o'zada miqdoriy belgilarning irsiylanishi.....	32
3.2. Markerlarga asoslangan seleksiyaning ahamiyati.....	41
3.3. DNK markerlari yordamida g'o'zaning filogenetik qarindoshligini aniqlash.....	46
XULOSALAR.....	54
FOYDALANILGAN ADABIYOTLAR RO'YXATI.....	56
ILOVALAR.....	61

KIRISH

Mavzuning dolzarbligi: Bugungi kunda molekulyar markerlar texnologiyasi genomi murakkab hisoblanuvchi g'o'za va shunga o'xshash boshqa o'simliklar genetik haritalarini tuzishda asosiy usullardan hisoblanadi. Genetik haritalar tayyor sikvenslar bilan fizik haritalar tuzishda hamda genlarni pozitsion klonlashda muhim o'rin tutadi va natijada esa butun genom sikvens qilinadi. G'o'za tetraploid (AADD) $2n = 4x = 52$ xromosoma naboriga ega bo'lib, gaploid genomining o'lchami taxminan 2200-3000 Mb (megabayt) va umumiy hisobda 5200 sM (santimorgan), o'rtacha bir santimorganga esa 400kb teng keluvchi 26 xromosomlarda joylashgan [38]. Bunday ulkan genom uchun qidirilayotgan genga yaqin turuvchi markerlardan iborat bo'lgan harita yaratishda ko'p miqdorda DNK markerlari talab etiladi. Bu esa har 1 sM ni qoplash uchun qariyb 3000 marker talab etadi [38].

RFLP markerlari g'o'za genom DNK-markerlarini identifikatsiyalashda va polimorfizmni harakterlashda "boshlang'ich nuqta" bo'lgan. Reinisch 1994-yili 705 RFLP markerlaridan foydalanib *G.hirsutum* "palmeri" hamda *G.barbadense* K101 liniyasi bilan turichi chatishtirish natijasida olingan 57 ta F2 avlod duragaylarida 41ta birikkanlik guruhini tashkil etuvchi harita yaratdi.

SHuningdek boshqa olimlar tomonidan ham RFLP markerlari yordamida bir nechta genetik haritalar yaratilgan.

Bundan tashqari olimlar tomonidan g'o'zada Miqdoriy belgilar lokuslarini (MBL, ingl. QTL – Quantitative trait loci) kartalashtirish bo'yicha bir qator ilmiy tadqiqot ishlari olib borilgan. Bunday ishlarga tola chiqimi, sifati kabi muhim agronomik belgilar ustida olib borilgan ilmiy izlanishlar yaqqol misol bo'la oladi. AQSHlik olim Ulloa g'o'zaning NM2401 va TM1 liniyalarini chatishtirishdan olingan F2 avlod duragaylari ustida olib borgan tadqiqotlari natijasida g'o'za genomining 1058sM masofasini qamrab oluvchi 28ta birikkanlik guruhini o'zida mujassam etgan genetik harita yaratdi. Mazkur haritada F3 avlod individlaridan olingan ma'lumotlardan ham foydalanilgan va shu asosda haritada 7ta QTL

topilgan. SHundan ikkitasi 7 va 25 birikkanlik guruhlarida joylashgan bo'lib tola uzunligiga javob beruvchi QTLlar va ular ushbu belgining 19% variatsiyasini namoyon etgan. Ikkita QTL tola ingichkaligiga tegishli bo'lib 22% variatsiyani tashkil etgan bo'lsa bor yo'g'i bittagina QTL tolamustahkamligiga birikkan qariyb 6% variatsiyani tashkil qilganligi aniqlangan [44].

Bitiruv malakaviy ishining maqsad va vazifalari: Ushbu bitiruv malakaviy ishidan ko'zda tutilgan asosiy maqsad, g'o'zada miqdor belgilarini boshqaruvchi gen/lokuslarni haritalash bilan bog'liq barcha usullarini o'rganish va o'zlashtirishdan iborat. Ilmiy ish maqsadidan kelib chiqqan holda quyidagi vazifalarni o'z ichiga oladi:

Mazkur tadqiqotning boshlang'ich materiallari sifatida olingan g'o'za namunalari va ularni o'zaro chatishtirishdan olingan ikkinchi avlod duragaylarini ekish va ularda morfo-biologik kuzatuv ishlarini olib borish;

Ota-ona populyasiyasi namunalarining o'zaro genetik polimorfizmi ma'lumotlaridan foydalanib XLSTAT komyuter dasturida ularning filogenetik shajarasi tuzish.

To'plangan morfo-biologik ma'lumotlar (o'simlik bo'yi, monopodial va simpodial shoxlar, shoxlanish tipi, ko'sak shakli, chanoqlar soni, birinchi hosil shoxining balandligi (hs), tola uzunligi, tola chiqimi va mingta chigit og'irligi) bilan PZR skrining natijasida olingan genotipik ma'lumotlarni o'rtasidagi genetik munosabatlarni aniqlash uchun MapQTL (Miqdoriy belgilar lokuslarini haritalash) dasturida tahlil qilish

Tola uzunligiga aloqador bo'lgan QTL lokuslarini xromosomalardagi o'rnini tasvirlash.

Foydalanilgan mikrosatellit markerlar to'plami ichida eng past va yuqori polimorfizmni namoyon etshini o'rganish.

Bitiruv malakaviy ishining ob'ekti va predmeti: Fenotipik va genotipik ma'lumotlar o'rtasidagi genetik bog'likni aniqlash uchun oddiy regression tahlil

usulidan foydalanildi. QTL ma'lumotlarini batafsil kartalashtirish va ishonchliligini ta'minlash uchun WinQTL cartographer dasturi ishlatilgan.

BMI ob'ekti – g'o'za ekini bo'lib, tadqiqotda quyidagi namunalardan foydalanildi: a) g'o'zaning *G.barbadense* L. va *G.hirsutum* L. turlarini o'zaro chatishtirib olingan, F1 avlod duragay o'simligi b) ota-ona shakllari v) F2 avlod duragay o'simliklari. BMI predmeti – JESPR, TMB, GH, BNL, CIR, NAU mikrosatellit markerlar to'plami.

Bitiruv malakaviy ishining ahamiyati: asosiy masalasi g'o'za o'simligining tola uzunligi belgisiga javob beruvchi gen/lokuslarni aniqlashdir. Gen/lokuslari aniqlangan tizmalar kelajakda markerlarga asoslangan seleksiya usuli yordamida tolasini uzun bo'lgan yangi navlarni yaratishda qo'llaniladi.

Bundan tashqari, bitiruv malaka ishida foydalanilgan materiallar, kimyoviy reaktivlar, asbob-uskunalar, o'simlik materiallari, molekulyar genetik usullar o'simlik to'qimasidan genom DNK ajratish, Mikrosatellit markerlar kolleksiyasi haqidagi ma'lumotlar, polimeraza zanjir reaksiyasi, gel elektroforez usuli, PZR asosida tadqiqot namunalarini genotiplash, bioinformatik va statistik usullar: filogenetik shajara tuzish, birikish guruhlari kartasini tuzish, miqdoriy belgilar lokuslarini (QTL) molekulyar kartalashtirish, variatsiyalar tahlili kabi usullarning keng yoritilganligi ushbu yo'nalishda tadqiqot olib boruvchilar uchun metodik qo'llanma sifatida xizmat qiladi.

1.BOB. ADABIYOTLAR SHARHI

1.1. DNK markerlari yordamida g'o'zaning qimmatli xo'jalik belgilarini molekulyar-genetik kartalashtirish,

Xromosomalarning genetik haritasi deb muayyan xromosomada birikish guruhidagi birikkan genlarning ma'lum tartibda va bir biridan muayyan masofada joylashganligini hamda genlarning nomlarini ifodalovchi simvollar aks ettirgan sxemaga aytiladi. Genlar xromosomada ma'lum tartibda chiziq bo'ylab joylashganligi sababli krosingover chastotasi bu genlar orasidagi masofani ko'rsatadi. SHuning uchun olingan dalillarga asosanib, genning xromosomada joylashgan o'rnini aniqlash mumkin. Birinchi bo'lib genetik birikkanlik haritani 1913-yilda Sturtevent tomonidan tuzilgan bo'lib, bu genetik olimlarda genlarni aniqlash va ularni genetik haritalarga joylashtirish qiziqishni uyg'otdi. Boshlang'ich davr davomida olimlar e'tibori irsiylanishni alohida shaklini ko'rsatuvchi morfologik belgilarda edi. Biroq tibbiyot, qishloq-xo'jalik va hayvonlarni tadqiq qiluvchi olimlarga qiziqarli bo'lgan belgilarning ko'pchiligi doim o'zgarib turishini ko'rsatadi. Bunday belgilar miqdoriy belgilar deb nomlanadi. Ko'p omilli yoki poligen xususiyatli murakkab belgilarning irsiylanishini tushunish bilan biolog olimlar bunday belgilarni o'rganish qiyinchiligini anglab etdi. Birinchi bo'lib 1923-yili Karl Saks morfologik markerlar bilan miqdoriy belgilarni birlashtirdi. 1975-yili Gelderman miqdoriy belgilar lokusi atamasini o'ylab topdi va bu "miqdoriy belgilar ta'siri bilan birikkan genomning bir bo'lagi" degan ma'noni anglatadi. Morfologik belgilarni o'zidan foydalanib, yuqori darajada genotip, atrof-muhit va epistatik o'zaro ta'sirlarni namoyon qiladigan bunday lokuslarni aniqlash juda qiyin, morfologik belgilar to'liq genomning atigi 5% ni tashkil qiladi, bundan tashqari ekspressiya bosqichiga bog'liq hisoblanadi. 1953 yilda Uotson va Krik tomonidan DNK strukturasi kashf qilingandan so'ng molekulyar biologiya sohasida qator kashfiyotlar, jumladan, genlar va

genetik haritalar tuzilishiga olib keldi. Yangi DNKga asoslangan markerlar: RFLP, RAPD, AFLP, SSR va SNP kabi markerlar genetic birikkanlik analizlarini va ko'pincha QTL tadqiqotlarini olib borishda foydalanildi. Dastlab miqdoriy belgilar lokuslarini (MBL/QTL) o'rganishda F2 avlod va bekkross (BC) populyasiyalardan keng foydalanilgan. Biroq, bunday populyasiyalarning genetik qurilishi o'ziga xos geterozigotalik tabiatiga ega bo'lganligi uchun QTL kartalashtirishda noqulaylik qiladi. Bu QTL analizlarda ulardan keng foydalanishga to'siqlik qiladi. Bu to'siqlarni bartaraf etish uchun bugungi kunda biologlar rekombinant inbred liniyalar (RILs), bekkross inbred liniyalar (BILs) qo'sh gaploidli liniyalardan (DH) keng foydalanib kelmoqdalar [42]. Bu manbaalar orasidan bir-biridan farq qiluvchi ikki xil gomozigotali o'simliklarni duragaylashuvidan olingan F2 avlod individlarining yagona urug'ini takroriy ko'paytirishdan olingan rekombinant inbred liniyalar (RILs/ *RIL*) QTL analizlarda eng ko'p foydalaniladi [32, 34].

Genlarning xromosomada joylashgan o'rnini ya'ni lokuslarini aniqlashdan oldin mazkur gen qaysi xromosomada joylashganligini aniqlash lozim. Bitta xromosomada joylashgan va birikkan holda irsiylanadigan genlar birikish guruxlarini hosil qiladi. Birikish guruhlarining soni har bir turning gaploid sondagi xromosomalar to'plamining soniga teng bo'lishi kerak. Hamma gaploid sondagi xromosomalar birikish guruhlarining tartib raqamlari bilan belgilanadi. Genetik harita tuzish uchun dastavval har qaysi xromosoma eng kamida bitta gen bilan markerlangan bo'lishi kerak. Genetik harita tuzish uchun ko'p sondagi genlarning irsiylanish qonuniyatlarini tadqiq qilish kerak.

Seleksiya yoki kartalashtirish loyihalari uchun markerlar tizimining afzalliklariga e'tibor qaratgan holda mos keluvchi tizimni tanlab olish zarur. Miqdoriy va sifat belgilarini kartalashtirish belgilarni bir individdan ikkinchi individga introgressiya qilish, germoplazmani tahlil qilish kabi tadqiqotlar turli xil uslubiy yondashuvni (turli markerlar tizimi qo'llanilishini) talab etadi. Tadqiqot uchun markerlar tizimining qo'llanilishi va uning samara berishi ularning ikki xil xususiyati bilan baholanadi: birinchisi, markerning populyasiyadagi

individumlar o'rtasidagi tafovutni namoyon qila olishi; ikkinchisi, genomdagi marker chastotasi (ya'ni bitta reaksiyada marker tomonidan birvarakayiga nechta lokus tahlil qilinishi mumkin). SSR markerlari qolgan markerlarga nisbatan yuqori geterozigotaligi sababli bu tizim individumlar o'rtasidagi tafovutni aniqlash kabi maqsadlar uchun keng qo'llaniladi va birmuncha samarador marker tizimi hisoblanadi [4].

Bugungi kunda molekulyar markerlar texnologiyasi genomi murakkab hisoblanuvchi g'o'za va shunga o'xshash boshqa o'simliklar genetik haritalarini tuzishda asosiy usullardan hisoblanadi.

Genetik haritalar tayyor sekvenslar bilan fizik haritalar tuzishda hamda genlarni pozitsion klonlashda muhim o'rin tutadi va natijada esa butun genom sikvens qilinadi. G'o'zaning tetraploid (AADD) $2n = 4x = 52$ xromosoma naboriga ega bo'lib genomining o'lchami taxminan 2200-3000 Mb (million juft asos) va u umumiy hisobda 5200 sM, o'rtacha esa 400kb santimorganga teng keluvchi 26 xromosomlarda joylashgan.

Bunday ulkan genom uchun qidirilayotgan genga yaqin turuvchi markerlardan iborat bo'lgan harita yaratishda ko'p miqdorda DNK markerlari talab etiladi. Bu esa har 1 sM ni qoplash uchun qariyb 3000 marker talab etiladi [38].

Biroq g'o'zada boshqa o'simlik turilari jumladan; sholi [43], pomidor [23], javdar va bug'doy [40] kabilarga nisbatan belgilar bilan birikkan markerlar juda ham kamchilikni tashkil etadi. RFLP markerlari g'o'za genom DNK-markerlarini identifikatsiyalashda va polimorfizmni har akterizatsiyalashda "boshlang'ich nuqta" bo'lgan. 705 RFLP markerlaridan foydalanib *G.hirsutum* "palmeri" hamda *G.barbadense* K101 liniyasi bilan turichi chatishtirish natijasida olingan 57 ta F2 avlod duragaylarida 41ta birikkanlik guruhini tashkil etuvchi har ita yaratdi. SHuningdek boshqa olimlar tomonidan ham RFLP markerlari yordamida bir nechta genetik har italar yaratilgan [45].

Hozirgi kunda tadqiqotchilar tomonidan qishloq xo'jalik ekinlarining qimmatli xo'jalik belgilarini kartalashtirish uchun turli xil DNK markerlaridan foydalanilmoqda. Zhang va boshq. Genetik birikkanlik haritasi yaratishda soyaning

(*Glycine max* L. Merr.) 184ta rekombinant inbred liniyalarini tahlil qilishdi [32]. Bu tadqiqotchilar guruhi 452ta RFLP, SSR va EST SSR markerlari yordamida soya genomidagi 3595.9 sM qamrab oluvchi 21ta birikkanlik guruhini yaratishdi. Protein va moylilik darajasi, pishish davri va o'simlik bo'yi kabi 9ta qimmatli xo'jalik belgilarining 63ta miqdoriy belgilar lokuslari – QTLni (LOD>3) bo'lganda aniqlashgan.

Ma'lum bo'lishichi bu lokuslarning har biri kamida 5ta fenotipik belgiga ta'sir qilib ushbu QTLlarning pleyotrop effektini namoyon etgan. Brondani va boshq. 157ta mikrosatellit markerlarga asoslangan molekulyar harita yordamida sholining (*Oryza sativa*) 11ta agronomik belgilarini o'rganib chiqishgan. Belgilarning 14.5 – 72.9% fenotipik variatsiyasiga javob beruvchi marker regionlar sholining 12ta xromosomasidan 9tasida joylashganligi aniqlangan. Mokrani va boshqlar kungaboqarning (*Helianthus annuus* L.) ikki inbred liniyasini chatishtirib yaratilgan F3 avlod duragaylarida QTL lokuslarini o'rganish bo'yicha tadqiqotlar olib bordi. Tadqiqot ishlarida olimlar ota-ona hamda F3 avlod o'simliklarini 276 AFLP va mikrosatellit markerlari bilan tahlil qilishib 170 ta markerdan iborat birikkanlik guruhlarini yaratishdi. Umumiy urug' soni, yog'lilik darajasi, gullash vaqti kabi belkilari tahlili qilinib, har bir QTLning fenotipik o'zgaruvchanlik foizi 2.6% dan 70.9%gachani tashkil qilganligi qayd etilgan [51].

G'o'za o'simligida ham olimlar tomonidan QTL kartalashtirish bo'yicha bir qator ilmiy tadqiqot ishlari olib borilgan. Bunday ishlarga tola chiqimi, sifati kabi muhim agronomik belgilar ustida olib borilgan ilmiy izlanishlar yaqqol misol bo'la oladi.

AQSHlik olim Ulloa NM2401 va TM1 liniyalarini chatishtirib olingan F2 avod duragaylari ustida olib borgan tadqiqotlari natijasida g'o'za genomining 1058 sM masofasini amrab oluvchi 28 ta birikkanlik guruhini o'zida mujassam etgan genetik harita yaratgan. Mazkur haritada F3 avlod individlaridan olingan ma'lumotlardan ham foydalanilgan va shu asosda haritada 7 ta QTL topilgan. SHundan ikkitasi 7 va 25 birikkanlik guruhlarida joylashgan bo'lib tola uzunligiga javob beruvchi QTLlar va ular ushbu belgining 19%

variatsiyasini namoyon etgan. Ikkita QTL tola ingichkaligiga tegishli bo'lib 22% variatsiyani tashkil etgan bo'lsa bor yo'g'i bittagina QTL tola mustahkamligiga birikkan qariyb 6% variatsiyani tashkil qilganligi aniqlangan [44].

Xitoylik tadqiqotchilar tomonidan ham tola sifati va pishiqligi belgilariga birikkan QTL topish maqsadida ilmiy izlanishlar olib borishgan [30].

Genetik tahlillar va molekulyar kartalashtirishga asoslanib tola sifat ancha yuqori bo'lgan 7235 Upland (*Gossypium hirsutum* L.) germoplazma liniyasida asosiy tola pishiqligi QTL aniqlangan. Ushbu tadqiqot ishlarida olib borilgan ilmiy izlanishlar natijalariga ko'ra ikkita SSR va oltita RAPD markerlari QTL bilan birikkan. Tolasi juda kaltaligi bilan ajralib turuvchi *Ligon lintless* (*Li1*) monosomik dominant g'o'za mutanti TM-1 navi bilan SSR markerlari yordamida taqqoslandi. Mutant fenotipli *Li1* bilan birikkan markerlar ($LOD \geq 3.0$ ga teng bo'lganda) va ularning qaysi xromosoma joylashganligi aniqlangan [33].

SHuningdek, olimlar TM-1 (*G.hirsutum*) liniyani 3-79 (*G.barbadense*) qo'sh--gaploidli liniya bilan turlararo chatishtirish natijasida yaratilgan populyasiya ustida olib borgan tadqiqotlarida tola ingichkaligiga birikkan 13 RFLP va RAPD markerlarini aniqlashgan [34].

Ilmiy manbalarda faqat fotoperiodizmning molekulyar asosini o'rganishda qilingan urinishlar haqida ba'zi ma'lumotlar keltirilgan. Jumladan, *G.hirsutum* L. turining ikkita fotoperiodik-o'zgartirilgan liniyalari va to'qqizta madaniy navlar ular o'rtasidagi genetik masofani aniqlash maqsadida o'rganilgan. Gutiérrez va boshq., ma'lumotlariga ko'ra SSRs markerlardan foydalanib aniqlangan bu navlar va fotoperiodik- o'zgartirilgan liniyalar o'rtasidagi genetik masofa 0.26 dan 0.34 gacha ekanligi ko'rsatilgan [25].

Genetik masofaning eng yuqori ko'rsatkichi ($GD=0.34$) AQSHning ST474 g'o'za navi va *G.hirsutum* L. primitiv turining fotoperiodik-o'zgartirilgan liniyalari o'rtasida aniqlangan bo'lsa, eng kichik genetik masofa esa ($GD=0.06$) Avstraliyaning ikki g'o'za navi o'rtasida kuzatilgan. *G.hirsutum* L. primitiv

turining fotoperiodik-o'zgartirilgan liniyalari genetik xilma-xilligini SSRs markerlari yordamida o'rgangan holda fotoperiodik-o'zgartirilgan material va standart g'o'za navi TM1 o'rtasida yuqori genetik o'xshashlikni (>0.75) topishgan. [36]

Bu borada mamlakatimiz olimlari tomonidan ham bir qancha muvaffaqiyatlarga erishilgan. Genetika va O'EB instituti Genom Texnologiyalari Markazi olimlari tomonidan tola chiqimi, sifati (uzunligi, pishiqligi) kabi g'o'zaning qimmatli xo'jalik belgilarini tadqiq qilib mamlakat iqtisodiyotini yaxshilashda qolaversa dunyo miqyosda yuksak natijalarga erishib kelinmoqda. I.YU.Abduraxmonov va boshq. tomonidan fitoxrom A (PHYA) geniga spetsifik bo'lgan CAP markerlaridan foydalanib g'o'zada tola uzunligi QTLini ($LOD>4.0$) aniqlashgan. Boshqa tadqiqotlarda indutsirlangan mutageniz oqibatida fotoperiodik gullash xususiyati o'zgartirilgan mutant liniyalarning boshlang'ich manbadan genomi qanchalik darajada o'zgarganligi (genetik masofasi) hamda filogenetik divergensiyasini baholashda 40 ta polimorfik SSRdan foydalanilgan [7]. O'rtacha hisobda yuqoridagi 40 SSR 141ta lokusni amplifikatsiyalagan. G'o'zaning barcha o'rganilgan genotiplari o'rtasida 141 informativ allellar asosida aniqlangan genetik masofa 0.09 dan 0.60 gachani tashkil etgan. Fotoperiodizmi o'zgartirilgan mutantlar va ularning boshlang'ich namunalari o'rtasidagi genetik masofa 0.29 dan 0.50 gachani tashkil qilgan. *G.barbadense* ssp.darwinii va uning fotoperiodizm o'zgartirilgan mutantlari o'rtasida genetik masofa 0.50 ni tashkil etib, radioaktiv mutatsiya natijasida yuz bergan genetik divergensiyaning birmuncha yuqoriligini ko'rsatgan. SHuningdek, genomning genotiplangan regionlari bo'ylab 29 % o'zgarish yuz berganligidan dalolat beruvchi *G.hirsutum* ssp.purpurascens var.el-salvador va uning mutanti o'rtasidagi genetik masofa ham sezilarli darajada ($GM=0.29$) ekanligi ma'lum bo'lgan. SHuningdek EST-SSR markerlaridan foydalanib tola rivojlanishi initsiatsiyasi bilan bog'liq QTL regionlari aniqlangan [18,25] Bundan tashqari SSR markerlaridan foydalanib tabiiy

barg to'kilishi kabi g'o'zaning noyob xususiyati bilan assotsiatsiyalangan QTL aniqlangan [35].

Ilk bor dunyoda birinchi marta I.YU.Abduraxmonov boshchiligida g'o'za germoplazmasining mingga yaqin nav va nav namunalaridan fodalanib g'o'zada "noteng birikkanlik"ni kartalashtirish amalga oshirilgan.

1.2. DNK markerlarining turlari

DNK markerlari o'zining yuqori informativligi, spetsifikligi, polimorfikligi va foydalanish qulayligi sababli molekulyar-genetik tadqiqotlarda mustahkam o'rin egallab kelmoqda. Quyida ularning ba'zilar haqida misollar keltirilgan.

RFLP – Restricted Fragment Length Polymorphism (Bo'laklangan Fragmentlar Uzunliklari Polimorfizmi - BFUP). RFLP tahlili ilk bor Jeffris tomonidan 1985 yil olib borilgan [31].

Bu usulda restriktazalar DNKni mahsus uchastkalarda, odatda palindrom ketma-ketliklarda parchalaydi. Mutatsiya natijasida shunday ketma-ketliklarning asoslaridan biri o'zgarib qolgan bo'lsa bu uchastkalar restriktazalar yordamida parchalanmaydi. Aksincha mutatsiya natijasida restriktazalarga chidamli bo'lgan boshqa yangi uchastkalar paydo bo'lishi mumkin. Xolbuki gipervariabel uchastkalar genomning transpozitsiya, noteng rekombinatsiyalar va DNK-polimeraza kompleksining "sirg'alishi" kabi anchayin murakkab tarkib topishidan kelib chiqqan. Natijada esa ikki genetik noo'xshash individlardan kelib chiqqan bir-biriga mos keluvchi DNK fragmentlari tez-tez har xil uzunlikda restriksion fragmentlarni yuzaga keltiradi. Bu marker tizimining bir qancha kamchiliklari mavjud, jumladan yuqori mehnat, qimmatliligi shuningdek irsiylanishning dominant ko'rinishi (geterozigota genotipini aniqlash imkoniyati yo'q).

RAPD markerlari (Random Amplified Polymorphic DNA - Tasodifiy Amplifikatsiyalangan DNKlar Polimorfizmi) PZRga (Polimeraza Zanjir Reaksiyasi) asoslangan bo'lib, usulning asosiy mohiyati DNK

regionlarining qisqa (10 nukleotidgacha) erkin oligonukleotidlar tomonidan tasodifiy amplifikatsiyalanishi bilan belgilanadi.

Praymerlarning kerakli uchastkalarga borib (gibridizatsiya) juda yumshoqsh roitda amalga oshiriladi. RAPD praymerlari DNKning o'ziga komplementar bo'lgan uchastkasi bilan bog'lanadi va amplifikatsiya ikkala zanjirda ikki yo'nalish bo'ylab amalga oshadi. Praymerlanish o'rtacha holda har bir million juft asosga bir marta to'g'ri keladi [36]. Bitta praymer tegishli tur yoki individum DNK o'xshash uchaskasiga bog'liq holda bir necha PZR mahsulotlari berishi mumkin. RAPD markerlar odatda populyasiyaning genetik strukturasini o'rganishda yoki genetik kartalashtirishda foydalanilishi mumkin.

RAPD-markerlari boshqa tip markerlariga nisbatan ancha arzon, sodda va qulayligi bilan ajralib turadi. Bu usulda radioaktiv moddalar ishlatilmaydi, probalarni tayyorlash uchun mahsus tayorgarlik talab qilinmaydi va hattoki DNK ketma-ketligini ham oldindan bilish shart emas. Biroq bu markerlardagi kamchilik ularning dominatligida va bu geterozigotani gomozigotadan farqlashda va buning natijasida esa allellar chastotasini aniqlashda ancha qiyinchiliklar keltirib chiqaradi.

AFLP–Amplified Fragment Length Polymorphism (Amplifikatsiyalangan Fragment Uzunligi Polimorfizmi). Bu usulamprifikatsiya va restriksiya etaplaridan tashkil topgan bo'lib eng avvalogenom DNKsi restriktazalar nabori (odatda, 2, 4 va 6 nukleotidlar ketma-ketligini taniydigan restriktazalar juftligi) bilan ishlanadi. Hosil bo'lgan fragmentlarga adapterlar ulanadi. So'ngra adapter praymerlari yordamida amplifikatsiyalanadi va undan keyin esa 3' ichida restriksiyasiga tegishli bo'lgan uch erkin nukleotid tutuvchi adapter ketma-ketligiga mos praymerlar yordamida selektiv amplifikatsiya o'tkaziladi. Tripletlar amplifikatsiyani restriksion fragmentlarning ba'zi qismlari bilan ta'minlaydi. Bu usul yordamida nukleotid ketma-ketligini bilmasdan turib ham katta miqdordagi SNPlarni tahlil qilish mumkin [48]. AFLP markerlarini qo'llab Genetika va O'EB

institututida [19] bir necha o'zbek navlarining molekulyar-genetik pasporti yaratilgan.

Mikrosatellitlar yoki SSR (SSR – Simple Sequence Repeat - Oddiy takrorlanuvchi ketma-ketliklar). SSR markerlari o'zining yuqori polimorfili bilan boshqa markerlardan ajralib turadi. Mikrosatellitlar hattoki yaqin qarindosh bo'lgan individumlar lokusarida ham yuqori polimorfizm namoyon etadi. [20]. Mikrosatellit ketma-ketliklari odatda dinukleotid (AC)_n, (AG)_n, (AT)_n; trinukleotid (CGG)_n (GCC)_n, (TCT)_n, (TTG)_n; tetranukleotid (TATG)_n va h-o bo'lib, "n"—mikrosatellit lokuslar ichidagi ketma-ketlikliklari takrorlarining miqdorini bildiradi. O'simliklarda eng ko'p uchraydigan mikrosatellit takrorlar (AT)_n, hayvonlarda esa (AC)_n ekanligi olimlar tomonidan qayd etilgan [21,22] i (GT)_n [60]. Mikrosatellitlar genlar ekspressiyasi regulyasiyasida, rekombinsiyasida, gen konversiyasida va jinsning aniqlanishida ishtirok etishi tahmin qilinadi.

Ba'zi olimlarning ta'kidlashicha mikrosatellitlarning yuqori stabiligi sabab ularni genetik markerlashda, populyasion tadqiqotlarda va hattoki genom daktiloskopiyasi usulidan foydalanib shaxsning identifikatsiyasida ishlatilishi mumkin [24, 31]. Mikrosatellit markerlardan foydalanib tadqiqotchi va olimlar tomonidan bir qancha ilmiy tadqiqotlar olib borilgan. Xususan genomni kartalashtirish, o'simliklarda qimmatli xo'jalik belgilarga javob beruvchi QTL lokuslarini aniqlash, turlarning bir-birlari bilan filogenetik qardoshligini aniqlash kabi ishlar bunga misol bo'la oladi. Mamlaktimiz olimlari tomonidan ham ushbu markerlar tizimidan foydalanib bir qancha halqaro darajadagi tadqiqotlar amalga oshirilgan. Jumladan g'o'zaning tabiiy holdagi barg to'kishi, tola chiqimi, sifat ko'rsatkichlari, fotoperiodik gullash kabi belgilari SSR markerlari tomonidan tadqiq qilingan [6].

CAPs - (Cleaved Amplified Polymorphism - Parchalangan Amplikonlar Polimorfizmi) va dCAP (ishlab chiqilgan CAP). Polimorfik

restriksiya saytini RFLP usuli bilan aniqlash kerakli fragmentni va parchalash uchun unga mos keladigan ferment tomonidan PSR-amplifikatsiyasida amalga oshiriladi. CAP markerlari gen-spetsifik markerlar hisoblanib kerakli gen amplifikatsiya mahsulotida mavjud bitta nukleotid polimorfizmiga asoslangan. Eng avval o'rganilayotgan belgi uchun javob beruvchi gen klonlanadi va sikvens qilinadi. Undan so'ng ketma-ketligi aniqlangan uchastka internet ma'lumotlar bazasida mavjud SNPga va ushbu SNP restriksiya saytini aniqlash uchun tekshirib ko'riladi. Nazariy tomondan yovvoyi tip yoki mutant ketma-ketligi SNP tufayli endonukleazalarga ta'sirchanligi bilan farqlanishi va shu sababli spetsifik endonukleazalar (restriktazalar) tomonidan parchalanishi (kesilishi) mumkin. Agarda SNP mavjud restriktazalar bilan kesiladigan bo'lsa marker yaratish mumkin [35]. Aksincha restriksiya sayti mahsulotda mavjud bo'lmasa u holda SNP yoniga sun'iy ravishda restriksiya sayti kiritiladi va bu dCAP deb ataladi[53]. Garchi biroz kamchiliklari bo'lsada, o'zining oddiyligi va ishonchliligi bilan bu metod ancha keng tarqalgan va ommabopdir.

STS – (Sequence Tagged Site – sikvens qilingan saytlar). STS – bu DNKning kalta (200-500 j.a.), noyob ketma-ketliklaridir. STS ketma-ketliklari genetik polimorfizmni topish yo'lida ishlatiladigan fragmentlar restriksiyasi, DNK fragmentlarining, zondlarning klonlanishi kabi analizlarda foydalaniladi. [31].

1.3. O'zbekiston g'o'za seleksiyasida markerlarga asoslangan seleksiya (MAS) usulining ahamiyati.

G'o'zaning xo'jalik qimmatli bo'lgan belgilariga asosan hosildorlik, ertapisharlik, zararkunanda va kasalliklarga chidamlilik, tolaning texnologik ko'rsatkichlari (tola uzunligi, ingichkaligi, pishiqligi, elastikligi, buraluvchanligi, uzilish uzunligi, mikroneyr, tola chiqimi), chigitni sermoy bo'lishligi kabi belgilar kiradi.

Tolaning uzunligi. Madaniy g'o'zalarda tolaning uzunligi 18—20 mm dan 45—50, hatto 55—60 mm gacha bo'ladi. *G.barbadense* turi g'o'za formalariga mansub Si-Aylend g'o'zasining paxta tolasi eng uzun bo'ladi.

Bundan keyin esa tolasining uzunligi jihatdan g'ozaning madaniy turlari quyidagi tartibda boradi: o'rta tolali (*G.hirsutum*), Afrika-Osiyo g'ozasi (*G.herbaceum*), Hindi-Xitoy g'ozasining (*G. arboreum*) tolasi eng qisqa bo'ladi. Respublikamiz navlarda paxta tolasining uzunligi 30—33 mm, ba'zilarida bundan ko'ra uzunroq, ingichka tolali g'oz navlarida esa 38—40 mm gacha boradi. Tolaning boshqa xususiyatlari yaxshi bo'lishi bilan birga, tola ancha uzun bo'lsa, qimmat shuncha ortadi.

Tolaning ingichkaliligi. Quruq tola diametri (eni) mikron xisobida belgilanadi. Madaniy g'oz navlarida tolaning diametri 7—10 mikrondan 30 mikrongacha, ko'pincha 15—20 mikron bo'ladi. Tola ingichkaligini ko'pincha metrik nomer bilan ifodalanadi, metrik nomer 1 g tolaning metr xisobidagi yoki 1 mg tolaning millimetr hisobidagi umumiy uzunligini bildiradi. Tola qancha ingichka bulsa, uning metrik nomeri shuncha katta, aksincha tola qancha yo'g'on bo'lsa, uning metrik nomeri shuncha kichik bo'ladi. Eng yo'g'on, dag'al tolaning metrik nomeri 2500, eng ingichka tolaning metrik nomeri 12000 atrofida bo'ladi. O'rta tolali g'ozalarida tolaning metrik nomeri 5000-5500, ingichka tolali g'oz navlarida esa 6500-8000, ko'pincha 7000-7500 ga teng. Tola qanchalik ingichka bo'lsa (tola devorchalari normal rivojlanganda), u shunchalik yaxshi hisoblanadi.

Tolaning pishiqligi deb, uning o'qi bo'ylab yo'nalgan uzuvchi kuchga qarshilik ko'rsatish qobiliyatiga aytiladi. Bitta tolaning pishiqligi grammlar bilan ko'rsatiladi. Bitta etilgan tolaning pishiqlik darajasi g'oz navlariga qarab har xil o'rtacha 4-7 g/teksga teng. Hozirgi o'rta tolali g'oz navlarida tolaning pishiqligi 4-4,9 g gacha, ko'pincha 4,5-5 g; ingichka tolali g'oz navlarida esa biroz ko'prok 4,6—5,2 g, ko'pincha 4,6-5,0 g. Tola pishiqligi undagi devorchalarning qalinligiga bog'liq. SHuning uchun kletchatka qatlamlari tola devorchalarida ancha ko'p bo'lsa, ya'ni tola qancha yaxshi etilsa, u shuncha pishiq bo'ladi. O'z-o'zidan ma'lumki, kuzgi sovuq tushguncha normal pishib ochilgan ko'sakdagi paxta tolasi yaxshi etilgan tolaga va ko'sak paxta tolasiga qaraganda pishiq bo'ladi.

Tolaning buraluvchanligi. Tolaning eng muhim xususiyatlaridan yana biri, uning buraluvchanligidir. Bunday tolalardan ip yigirilganda ular o‘zaro yaxshi birikib, ipning pishiqligi, ya’ni to‘qima pishiqligi ortadi. Tola qanchalik buraluvchan bo‘lsa, u shunchalik yaxshi xisoblanadi. Tolaning buraluvchanlik darajasi uning bir millimetrining qanchalik buralishi bilan belgilanadi. Normal rivojlanib pishgan tolada buralish darajasi g‘o‘zaning tur va naviga qarab turlicha bo‘ladi. Odatda, tola qancha yaxshi buralsa, shuncha ingichka bo‘ladi. Masalan, tolasi nisbatan dag‘al jaydari g‘o‘zaning har 1 mm tolasi tahminan 6—8 marta, o‘rtacha va ingichka tolali g‘o‘zalariniki esa 10—12 marta buraladi. Bunda keyingisiniki odatda birinchisinikiga qaraganda bir necha marta, ko‘p buralgan bo‘ladi.

Tolaning necha marta buralishidan tashqari, bu buralishlarning tola bo‘yiga bir tekisda joylashishining ham ahamiyati katta. Tola qanchalik bir tekisda buralsa, u shunchalik yaxshi xisoblanadi.

Tolaning uzilish uzunligi. Tolaning metrik nomerini pishiqlik (gramm hisobidagi) ko‘rsatkichiga ko‘paytirib 1000 ga taqsim qilinsa, uzilish uzunligi kelib chiqadi. Tolaning bu xilda hisoblab chiqilgan uzilish uzunligi nazariy jihatdan shunday uzunlikki, agar tolalar bir-biri bilan uchma-uch ulanaversa, u ma’lum uzunlikka etganda o‘z og‘irligi bilan uzilib ketadi. Xozirgi ekilayotgan o‘rta tolali g‘o‘zaning sanoatbop navlari tolasining uzilish uzunligi odatda 23—25 km/ga, ingichka tolali g‘o‘za navlari tolasining uzilish uzunligi esa 33—36 km/ga, ba’zi navlarda esa 36—37 km/ga etadi[2].

Tolaning etilganligi. Tolaning etilganligi uning devorchalarida kletchatka qavatlarining paydo bo‘lish darajasiga qarab anilanadi va buni shartli ravishda etilish koeffitsienti deb ataladi. Etilish koeffitsientini aniqlash uchun 250 dona paxta tolasi mikroskop ostiga qo‘yilib, polyaroid (IT-2) deb ataladigan mahsus moslama bilan mahsus ishlangan tola etilish shkalasiga solishtiriladi. SHkalada tolaning etilganligi 0 dan 5 gacha 0,5 birlikda 11 daraja (gredatsiya) ga bo‘lib

ko'rsatilgan. SHkaladagi 0 koeffitsienti o'lik tolani, 5 koeffitsienta o'ta etilgan, ya'ni devorchalari juda qalinlashib ketishi natijasida buraluvchanligi bo'lmagan tolani ko'rsatadi. Devorchalari normal rivojlanib, buraluvchanligi bir tekisda yaxshi etilgan tola etilish koeffitsienti shkalasida 2—2,5 raqami bilan ko'rsatiladi [1].

Tolaning chiqimi. Tolaning chiqishi ma'lum miqdordagi chigitli paxta massasidan olingan sof chigitsiz tola massasining shu tola olingan chigitli paxta miqdoriga bo'lgan % hisobidagi nisbatidir. Binobarin, tolaning chiqishi bir tomondan sof tolaning massasiga bog'liq bo'lsa, ikkinchi tomondan chigit massasiga (podpushkasi bilan birga), uning puch yoki to'lig' va yirikligiga bog'liq.

CHigit yuzasidagi tolalarning soni turli g'o'za formalari doirasida bir-biridan keskin darajada farq qilishi bilan birga, bitta turga mansub bir necha nav doirasida ham turlichadir. Masalan, g'o'za turlarida chigit sirtida 7 mingdan 15 mingtagacha tola bo'ladi. Madaniy g'o'za formalarida tolaning chiqishi 20 dan 50 foiz atrofida o'zgarib turadi. Ishlab chiqarish amaliyotida tola chiqish xajmini uch kategoriyaga bo'lish qabul qilingan: tola chiqishi 30 foizdan kam bo'lsa past, 30—33 foiz bo'lsa o'rtacha va 33 foizdan yuqori bo'lsa yuqori deb xisoblanadi. Bunday uch kategoriyaga bo'lish shartli ravishda qilingan, lekin seleksiyada erishilgan yutuqlar va sanoatning talabiga qarab u o'zgarishi mumkin. Laboratoriya sharoitida har bir chigitli paxta partiyasidan tola chiqishi shu partiya namunasini arrali jinda ishlab chiqib topiladi [2].

Mikroneyr. Bu g'o'za tolasining texnologik ko'rsatkichlari ichida ip-yigiruv va to'qimachilik sanoatida muhim o'rin egallab, mikroneyr asboblarda, ma'lum vaznli tola orqali o'tadigan xavo oqimi bosimining pasayishi bilan aniqlanadigan ko'rsatkichdir. U tolaning chiziqli zichligi bilan o'zaro bog'liq mikrogrammning dyumga nisbatini ifodalaydi, lekin turli seleksiya navlari uchun turlicha bo'ladi. Tahminiy chiziqli zichlikni olish uchun mikroneyr ko'rsatkichini 39,37 gs ga ko'paytirish kerak, lekin xaqiqiy qiymatga to'g'ri kelishiga kafolat bermaydi. O'rta tolali g'o'za

navlari uchun ko'rsatkich qoida bo'yicha 2,0 dan 6,5 gacha intervalda bo'ladi. Asosiy interval 3,5 dan 4,9 gacha hisoblanadi. Bu qiymatlardan past yoki yuqori ko'rsatkichlarda farq qilish darajasiga qarab narxi o'zgartiriladi. Mikroneyr ko'rsatkichi oshganda ham, kamayganda ham paxta tolasining vazni o'zgarmaydi.

Respublikamizda g'o'za o'simligini xo'jalik-qimmatli bo'lgan belgilarini yaxshilash borasida MAS usulini joriy qilinganiga hali ko'p vaqt o'tmagan bo'lsada bir qancha yutuqlarga erishilmoqda. Tola pishiqligini yaxshilash maqsadida D.J. Komilov va boshqalar tola pishiqlik ko'rsatkichi yuqori bo'lgan 37.9 gk/teks donor nav namunasi (L-N1) bilan respublikamiz mahalliy navi hisoblangan tola pishiqlik ko'rsatkichi 29 gk/teks teng An-Boyovut-2 navini chatishtirib F1 avlod olingan va F1 ni retsipient An-Boyovut-2 navi bilan qayta (bekross) chatishtirilgan. Olingan BC1F1 avlod duragaylarida tola pishiqlik ko'rsatkichi o'rtacha 35,1 gk/teks tashkil etdi. Bu esa donordagi tola pishiqligi bilan bog'liq marker lokusning duragaylarga o'tganligidan dalolat beradi [16].

Tola cho'zuluvchanligini yaxshilashda M.M. Darmonov va boshqalar tola cho'ziluvchanlik ko'rsatkichi 16.4% yuqori bo'lgan Saenr pena-85 donor nav bilan ushbu parametr bo'yicha ko'rsatkichi 8.9 % nisbatan past belgili mahalliy nav Andijon-35 chatishtirildi. Olingan F1 avlodni Andijon-35 navi bilan qayta chatishtirildi va olingan BC1F1 avlodni tola elastikligiga javob beruvchi DNK markeri BNL 3650 bilan PZR qilib tekshirib 45 ta shu belgili o'simlik olgan. Bu ko'rsatkich bo'yicha o'rtacha natija 11.8 % (mak.13.8 – min. 10.4) ni tashkil qilgan [9]. Maxkamov A.X. tola pishiqligi 29.2 gk/teks va elastikligi 8.9% teng mahalliy Andijon-35 navida shu ko'rsatkichlarni yaxshilash maqsadida L-141 tola pishiqligi yuqori 37.9 gk/teks va elastikligi 9.8% hamda Saenr pena-85 tola elastikligi yuqori 16.4% va pishiqligi 31.7 gk/teks teng bo'lgan tizmalaridan donor sifatida foydalangan. Bu ikki donor tizmani retsipient Andijon-35 bilan chatishtirib F1 avlodni olgan va F1xF1 avlodlarini chatishtirib duragay o'simliklar olingan. Bu duragaylar Andijon-35 bilan qayta chatishtirilib olingan

duragaylar shu tola ko'rsatkichlariga javob beruvchi DNK markerlari BNL 1122 va BNL 3650 bilan PZR qilinib tekshirgan. Olingan 28 ta BC1F1 avlodlarda tola pishiqligi o'rtacha 35.3 gk/teks va elastikligi 11% teng bo'lgan [12].

Darmonov M.M. va boshqalar tola pishiqligi 29.2 gk/teks teng mahalliy Andijon-35 navida bu ko'rsatkichni oshirish maqsadida yuqori tola pishiqligi bilan genetik bog'langan DNK markerlarini tutgan L-141 liniyasi bilan qayta chatishtirib 120 ta BC3F1 avlodlarini olgan. Ularni tola pishiqligiga javob beruvchi BNL 1604 DNK markerlari bilan PZR usuli yordamida tekshirgan va o'simliklarning 46 tasi donor tizma allelini, 57 tasi ota ona allellarini, 17 tasi faqat retsipient allellarini tutganligini aniqlagan [10].

Maxkamov A. X. va boshqalar g'o'zada tola pishiqligi va mikroneyri ko'rsatkichini oshirish maqsadida MAS texnologiyasining piramidalash usulidan foydalanib tola sifat belgilaridan tola mikroneyri va pishiqligi yuqori bo'lgan ikki xil donor g'o'za nav namunalari (KK-1795 va L-141) bilan genetik polimorf bo'lgan va tola sifati yuqori bo'lmagan mahalliy AnB-2 g'o'za navini tanlab olib, o'zaro chatishtirdi. Ulardan olingan ikki xil F1(AnB-2xKK-1795) va F1(AnB-2xL-141) duragaylari bir-biri bilan chatishtirilishi orqali ikki xil qimmatli xxo'jalik belgilarga ega bo'lgan murakkab F1[F1(AnB-2 x KK-1795) x F1(AnB-2 x L-141)] duragaylarni oldi va ularni retsipient o'simlik (AnB-2) bilan bekross qilinib 96 ta BC1F1 o'simliklarini olgan. Nihollardan genom DNK lari ajratib, tolaning mikroneyr va pishiqligi belgilariga genetik bog'langan DNK markerlari (NAU2277, BNL1604) bilan PZR usuli yordamida tahlil qilindi. PZR tahliliga ko'ra o'simliklarining 20 tasi (21%) ham tola mikroneyri ham tola pishiqligi allellarini tutgan bo'lsa, 44 ta (46%) o'simliklarda esa ikki alleldan birining mavjud ekanligi ma'lum bo'ldi. Qolgan 32 ta (33%) o'simliklarda mazkur belgilar bo'yicha xech qanday allellarga ega bo'lmaganligi va 100 % retsipient AnB-2 g'o'za navi bilan o'xshash ekanligini aniqlagan. [13].

Maxkamov A. X. va boshqalar go'zada tola pishiqligi va elongatsiya ko'rsatkichini oshirish maqsadida MAS tenologiyasining piramidalash usulidan foydalanib murakkab duragaylash yo'li orqali F1 (Andijon-35xL-141)x F1 (Andijon-35xSaenr pena-85) avlodlarini oldi va donor liniyalarga xos bo'lgan tola sifatlarining marker belgilaridan tashqari boshqa salbiy belgilardan xoli bo'lish maqsadida Andijon-35 navi bilan bekkros ishlarini olib bordi. Olingan BC1F1 duragaylarning nihollik davrida ajratib olingan genom DNKlari o'rganilayotgan tola pishiqligi va elongatsiya belgilariga genetik bog'langan BNL1604 hamda BNL3545 markerlari bilan PZR usuli yordamida skrining qildi. Olingan talil natijalari ko'ra 135 ta duragaydan 38 tasi ijobiy natijaga ega bo'lgan. Tola sifat ko'rsatkichlari retsipient Andijon-35 navining tola pishiqligi o'rtacha 32.1gr/teks va elongatsiya 8.1%, donor L-141 liniyada tola pishiqligi 39.3gr/teks, elongatsiya 8.6% hamda Saenr pena-85 donor liniyada tola pishiqligi o'rtacha 28.4gr/teks, elongatsiyasi 10.9% ga teng bo'lganda 38 ta BC2F1 o'simliklarida esa o'rtacha tola pishiqligi 32.9gr/teks (mak./min. 36.2-28.3gr/teks) va elongatsiyasi 9.2%ga (mak./min. 10.5-6.6%) teng bo'lgan. [14].

Tola sifati yuqori, serhosil, qurg'oqchilikka, turli xil kasalliklarga va tashqi muhitning noqulay sharoitlariga chidamli bo'lgan g'o'zaning yangi navlarini yaratish bugungi kunda dolzarb hisoblanadi. Zamonaviy molekulyar markerlar texnologiyasi amaliy o'simliklar seleksiyasida muhim agronomik belgilar bilan aloqador bo'lgan miqdoriy belgilar lokuslarini (QTL) kartalashtirish, genetik o'zgaruvchanlikni aniqlash, tavsiflash va manipulyasiya qilishni osonlashtirgani orqali o'zining foydali ekanligini ko'rsatdi. O'tgan yillar davomida bir necha xil yangi avlod molekulyar markerlarni yaratilishi, o'simliklar genomini keng qamrab olgan genetik birikkan hartalarni tuzishga olib keldi. Bu genetik haritalar seleksionerlarga xo'jalik uchun qimmatli bo'lgan belgilarga genetik bog'langan markerlarni aniqlash va ularni markerlarga asoslangan seleksiya (MAS) dasturida foydalanish imkoniyatini yaratdi. G'o'za seleksiyasida molekulyar markerlardan foydalanishning asosiy sabablaridan biri ularning 100% irsiylanishi va iqtisodiy

tejamkorligidadir. SHuning uchun g'o'za germplazmasidan foydalanib irsiylanishi past bo'lgan belgilarni tanlash, murakkab bo'lgan tola hosildorligi va sifat belgilarini aniqlash hamda ularni MAS dasturi orqali elita navlarga introgressiya qilishda molekulyar markerlar keng qo'llanilmoqda. DNK markerlaridan foydalanib qimmatli xo'jalik belgilarga aloqador QTL lokuslarini aniqlash o'simliklar seleksiyasida poligen xususiyatga ega bo'lgan murakkab belgilarni tavsiflashga katta hissa qo'shadi.

O'tgan asrdan to'plab, rivojlantirib va saqlab kelinayotgan O'zbekiston g'o'za germplazmasi 43 avlodga mansub A-genomdan K-genomgacha bo'lgan g'o'zaning 17000 genetik xilma-xil namunalariga ega bo'lib, ulardagi 335 ta g'o'zaning nav va nav namunalarini iqlimi jihatdan bir-biridan keskin farq qiluvchi O'zbekiston va Meksika sharoitida o'stirib 202 ta SSR (Simple Sequence Repeat-oddiy takrorlanuvchi ketma-ketliklar) praymerlari yordamida tadqiq qilishi natijasida tola sifat belgilariga (mikroneyr, tola uzunligi, pishiqligi va elongatsiya) genetik bog'langan bir nechta DNK markerlari aniqlandi.

O'zida tolaning sifat belgilariga (mikroneyr, tola pishiqligi, uzunligi va elongatsiya) genetik bog'langan DNK markerlarini tutgan liniyalar yurtimizda DNK markerlariga asoslangan seleksiya dasturini boshlashga zamin yaratdi. Bunday donor liniyalar va DNK markerlaridan foydalanib ikki va undan ortiq tolaning sifat belgilarini bir mahalliy navga jamlashni genlarni piramidalash deb nomlanib, bunday usullar MAS tadqiqotining asosiy tajribalaridan biri qilib belgilandi [3].

2. BOB. ISHNING OLIB BORISH USULLARI VA MATERIALLAR

2.1 O'simlik to'qimasidan genom DNKsini ajratish

Biologik tirik ashyolardan DNK ajratishning bir necha usullari mavjud bo'lib ular quyidagilardir:

1. Fenol-xloroform usuli. Bu eski biroq, foydali usul xisoblanadi. Kamchilik tomoni foydalaniladigan reagentlar inson salomatligi uchun anchagina xavfli xisoblanib PZR reaksiyasi va sekvens (DNK ketma-ketligini o'qish) uchun DNK sifati birmuncha yaroqsiz.

2. STAV usuli. Bu usulni qo'llab o'simlik to'qimasidan genom DNKsi ajratish anchagina samarali va sifatlidir. Barcha o'simlik turlaridan DNK larini ajratish mumkin. Ishlatilayotgan reagentlar inson salomatligi uchun xavfsiz va boshqa usullarga qaraganda arzon. Yomon tomoni vaqt ko'p talab qiladi.

3. KIT (naborlardan foydalanib ajratish) usuli. Bu usul qolgan usullarga qaraganda bir necha bosqichlar reagentlarning bir-biriga mos ravishda qo'shilishi hisobiga qisqartirilgan. Yaxshi tomoni DNK sifatli va juda tez ajratiladi. Yomon tomoni juda qimmat. (Sh.Ye. Shermatov 2009)

DNK ajratish uchun to'qima tanlash. Nuklein kislotasi xar bir hujayrada mavjud bo'lib, DNK ni xohlagan to'qimadan ya'ni hujayralar kam bo'lgan joylardan xatto xayvon suyaklari, baliq tangachalari yoki daraxt po'stloqlaridan ajratish mumkin. Xar bir xayvon yoki o'simlik organizm to'qimalarida DNK bir xilda bo'ladi. Ba'zilarida nasl qoldirish xususiyati mavjud bo'lib boshqa narsalar yo'q, boshqalarida esa suyakli to'qimaga o'xshab DNK miqdori kam. Bundan tashqari shunday to'qimalar mavjudki, xujayralarida ikkilangan xromosomalar bo'ladi, shu sababli DNK miqdori boshqa xujayralarga nisbatan ikki baravar ko'p bo'ladi. DNK miqdori yog'ochlashgan daraxtga nisbatan uning yosh novdalarida, bargida va o'simlik urug'larida ko'p bo'ladi. Agar tadqiqotchi oldiga biror-bir maxsus vazifa qo'yilmagan bo'lsa, u xolda o'zi uchun shunday to'qima olishi kerakki o'sha hujayralari kam va hujayraning o'zi ko'p bo'ladiganlarini, iloji boricha to'qimadan oson ajraladigan, xujayralar esa oqsillar (muskul hujayralar), lipidlar (yog' hujayralar) yoki polisaxaridlar (miya hujayralari) bilan to'yinmagan

bo'lishi kerak. Tadqiqotda biz bug'doy genom DNK sini ajratib olish uchun bug'doyning uchki o'suv qismidagi yosh barglardan foydalandik.

To'qimalarni xujayra darajasida maydalash. Biz ajratib olmoqchi bo'lgan DNK to'qimasini xujayralarga maydalash uchun uni farfor idishga solindi va ustiga -800C suyuq azot quyilib uni chinni tayoq bilan maydalandi. Mexanik ajratganda to'qima suyuq azot ta'sirida boshqa-boshqa hujayralarga ajraladi. Natijada bir-biriga bog'lanishni mexanik ajratish uchun kamroq kuch talab etiladi va xujayralar kam jarohatlanadi. Yuqoridagi usul uchun jarohatlanmagan xujayralar kerak bo'ladi, yaxshisi yangi muzlatilgan to'qimalar bo'lgani maqul, faqat saqlash davrida muzdan eritilmagan bo'lishi kerak.

Yirik molekulalar ajralishi. Suyuq azot tasirida bir-biridan ajralgan xujayralar membranasi va uning organoidlarini filtrlash orqali ajratib tashlanadi. Filtrlash shu bilan bir qatorda DNK ajralishida yirik to'qima bo'laklarini ximiyaviy vositalar yordamida qayta ishlanadi. Hosil bo'lgan hujayralarni birinchi navbatda lizislovchi buffer orqali qayta ishlanadi. Hujayra membrana qobig'i va uning yadrosini eritish uchun 65oC xaroratda 45 daqiqa davomida 2xSTAV buferida inkubatsiya qilindi. Buning natijasida hujayraning barcha organoidlari tashqariga chiqadi va aralashma yopishqoq, cho'ziluvchan, hujayraning oldingi suyuqligiga nisbatan ancha shaffof bo'ladi. Aralashmaning bunday o'zgarishi lizis muvoffaqiyatli o'tganidan darakdir.

Oqsillardan tozalash. DNKni oqsillardan tozalash uchun probirkaga xloroform-izoamil spirt (24:1) aralashmasi qo'shildi. Malumki, nuklein kislotalar bilan oqsillar bir-biriga juda mustaxkam bog'langan. Oqsillarni aralashmadan olib tashlashning bir necha etaplari mavjuddir. Shulardan biri denaturatsiya va cho'kma ustiga tuzli aralashma qo'shishdir. Bizning sharoitda o'simlik DNKsini oqsilardan holi qilish uchun bir necha daqiqa probirkalarni sentrafuga qilindi. Buning natijasida hamma yoki katta-kichik hujayra bo'laklari, parchalangan oqsillar va boshqa moddalar cho'kma bo'lib probirka tubiga tushadi. Tarkibida asosan nuklein kislotalar-DNK va RNK bo'lgan probirkaning ustki qatlamidagi suyuqlik (supernatant) ni boshqa probirkaga olindi. Aralashmadagi keraksiz qismlar fenol

xloroform bilan olib tashlandi. Organik aralashma oqsilni o'ziga biriktirib oldi keyin sentrafugadan oldin og'ir suvli aralashma qismi suyuqlikni markazida qoldi. Sentrafugadan keyin xloroform bilan erigan oqsil probirka tubida, DNKli suvli qismi yuqorida joylashgan bo'ladi. Supernatant boshqa probirkaga olindi va ustiga suyuqlikdagi DNKni ivishi uchun STAV presipitatsiya buferidan qo'shdik va Q650C haroratdagi suvli hammomda 30 min. ushlendi.

DNKni RNK dan tozalash. Bundan keyingi jarayonda supernatant tarkibidagi suyuqlikni sentrafugalash yo'li bilan olib tashlandi. Keyin probirka tubidagi toza cho'kma olindi va uni RNKaza qo'shilgan yuqori tuzli buferi bilan qayta ishlandi. Bu bosqich molekulyar genetikada juda xam muhimdir. Supernatant tarkibidagi DNK RNK lardan yetarlicha holi bo'lishi lozim.

DNK ni cho'ktirish. Probirkadagi suyuqlik ustiga 96% etil yoki izopropil spirti qo'shildi va bu holda DNK kristal holatiga o'tishi kuzatildi. Shu sababli izopropil spirti qo'shilgan DNKli suyuqlik sekin astalik bilan -20oC li muzlatkichga 30 min.ga qo'yildi. Bunday sharoitda DNK ni ajralib chiqishi ancha tezlashdi. Muzlatkichdan so'ng DNKni sentrafugada cho'ktirib oldik. Probirkani yuqori qismida hosil bo'lgan supernatant olib tashlandi va keyingi jarayonga o'tildi.

DNK ni tuzlardan tozalash va eritish. DNK ni har xil tuzlardan tozalash uchun uni 70% li etil spirti bilan ikki marta yuvildi. Tuzlardan tozalangan DNK yashilab quritildi. Quritilgan DNK hech qanday suvda eritilmaydi chunki suv tarkibida nukleazalar bo'lishi mumkin. Bu fermentlar DNK ni parchalab yuborishi mumkin. DNK ni TE buferida eritiladi. Bunday RNK va har xil tuzlardan tozalangan DNK ni klonlash, PZR va boshqa maqsadlarda ishlatish mumkin (Sh.Sh. Egamberdiyev, 2009).

Quyida STAV usuli bosqichlari batafsil keltiriladi;

1. Suyuq azot yordamida 0,2 g muzlatilgan o'simlik namunalari barglari stiril farfor idishlarda gomogen xolatiga kelgunga qadar maydalanadi.
2. Gomogenat ustiga 65oS qizdirilgan xoldagi 2xSTAV (100mM Tris, 20mM EDTA, 2% STAV, ph 8.0) buferidan 2 ml qo'shib va stiril shpatel bilan

aralashtiriladi.

3. Gomogen suspenziyadan 700 mkl olinib 2 ml hajmli Yeppendorf steril probirkalarga solib chiqiladi va yaxshilab aralashtiriladi.
4. Gomogenat solingan probirkalarni 60 daqiqa davomida 65°C isitilgan suvli xammomda xar 5 daqiqada aralashtirib turgan holda inkubatsiya qilinadi.
5. So'ngra xar bir probirkaga teng hajmda (700 mkl) 24:1 nisbatdagi xloroformizomil spirit solib chiqiladi.
6. Probirkalar qopqoqlari yaxshilab yopilib vorteks uskunasi yordamida 5 daqiqa aralashtiriladi va 10000 marta 1daqiqa tezligida 5 daqiqaga sentrifugalanadi.
7. Probirkalarning tepa qismida hosil bo'lgan suvli qismi (supernatant) dan 600 mkl olib yangi 2 ml steril probirkaga o'tkaziladi.
8. Har bir supernatantning ustiga 0.1 hajmli (60 mkl) 65°C avtoblotda isitilgan 10xSTAVGNaCl (0.7M NaCl, 10% STAV) buferi solinib 5 daqiqa davomida termomikserda yaxshilab aralashtiriladi.
9. Yana bir bor har bir probirkaga teng hajmda (660mkl) 24:1 nisbatdagi xloroformizomil spirt solib chiqiladi va yaxshilab aralashtiriladi. So'ngra probalar 10000 martta 1daqiqa tezlikda 5 daqiqa sentrafugalanadi.
11. Probirkalarning tepa qismida hosil bo'lgan suvli qismi (supernatant) dan 500 mkl olib yangi 2 ml steril probirkaga o'tkaziladi.
12. Xar bir probaga 1:1 hajmda (500 mkl) STAV presipitation (50mM Tris, 10mM EDTA, 1% STAB, ph8.0) buferidan solib yaxshilab aralashtiriladi va 65°C isitilgan suvli xammomda 30 daqiqa davomida inkubatsiya qilinadi.
13. Inkubatsiyadan so'ng 14000 marta 1 daqiqa tezligida 15 daqiqa sentrafugalanadi hamda suvli qismi (supernatant) to'kib tashlanadi.
14. DNK cho'kmasiga esa 500 mkl yuqori tuzli (1M NaCl 10mM Tris, 0.1M EDTA, ph8.0) buferdan solib chiqiladi.
15. Probalar cho'kma erib ketgunga qadar aralashtiriladi va aralashma ustiga 0.6 M li izopropanol (Izopropanol; 2-propanol) spirtidan qo'shib 1-2 daqiqa aralashtiriladi va 1 soatga 20°C xaroratli muzlatkichga qo'yiladi.
16. So'ngra 15 daqiqa 14000 marta 1 daqiqa tezligida sentrafugalanadi va suvli

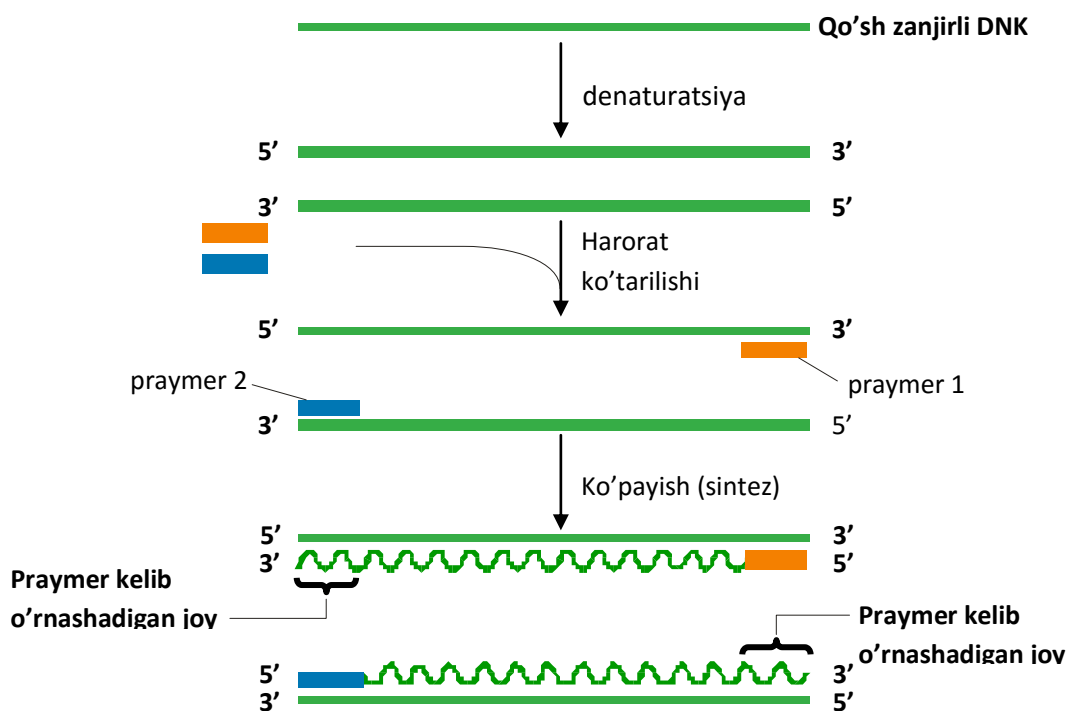
qismi to'kib tashlanadi.

17. DNK cho'kmasini 2 marta 1 ml 70% etil spirtida tozalab olinadi. Har safar tozalanganda 14000 marta 1daqqa tezligida 5 daqiqa sentrafugalanadi va cho'kma cho'ktirib olinadi va spirt to'kib tashlanadi.
18. Cho'kma vakum konsentrator da 45°C xaroratda quritiladi va qurigan DNK cho'kmasi 200 mkl TE (10mM Tris ph 8.0, 1mM EDTA ph 8.0) buferda eritiladi.

Har bir namunadan ajratib olingan genom DNKlari 0,9% li agaroz gelida elektroforez qilindi va ularning konsentratsiyasi vizual tarzda aniq konsentratsiyali λ fagi DNKsiga taqqoslanib aniqlandi. Ularning konsentratsiyasi ishchi konsentratsiyaga (25 ng.mkl) olib kelindi va muzlatilgan holda 20°C haroratli muzlatgichda saqlandi.

2.2. Polimeraza zanjir reaksiyasi

Gentiplash uchun mikrosatellit markerlar bibliotekasidan hamda bug'doy genetik xaritalaridan foydalanib 100 yaqin SSR markerlari ishlatildi. SSR praymer juftlari International DNA Technologies firmasidan olingan.



2.1-rasm: Polimeraza zanjir reaksiyasi

2.3. Elektroforez usuli yordamida DNK va PZR mahsulotlarini tekshirish.

Elektroforez usuli jarayoni. Biologik yirik molekulalar – bular oqsil, nuklein kislota, polisaxaridlar suyuqlikdagi zarra ko‘rinishida bo‘lib, ular o‘zining shakli jihatidan kolloid zarralariga mos bo‘ladi. Ularda elektrolitik ajralish xususiyatiga ega bo‘lgan gruppalar mavjudligi sababli ular ma’lum elektr zaryadiga ega. Nuklein kislotasi shaklida ularning zaryadlari fosfor guruhlarining ajralishi (dissotsiyanlash) xisobiga bo‘ladi. Shuning uchun DNK neytral va ishqoriy muhitda manfiy zaryadga ega bo‘ladi.

Zaryadlangan zarralar elektr maydon taʼsirida katod yoki anod bilan aralashishi, jami zaryadlangan zarralarning qanday belgisi (Q-) zaryadlanganligiga bog‘liq bo‘ladi. Bu xodisa elektroforez deb nomlanadi. Zarralarning harakatlanish tezligiga $1Vt$ $1sm$ elektr maydoni taʼsiri natijasida gilda DNK va RNKlarning harakatlanish yuzaga keladi. Zarralarning harakatidagi farq analitik yoki preparativ maqsadlardagi qorishma moddalarining bo‘linishiga xizmat qiladi. Elektroforezning harakatlanishni aniqlash shuningdek moddalarning harakteristikasini aniqlashda ham foydalaniladi.

Elektroforez vaqtida, analiz qilinayotgan zarralar harakat tezligi, bo‘yovchi moddani siljishini kuzatish yo‘li bilan aniqlanadi.

Har xil turdagi elektroforez asboblari 2 ta elektron idish va asosini taminlab turuvchi asbob (qog‘oz, kraxmal, agaroz va akrilamid gel) imkon qadar ikki idish orasida bo‘lishi kerak. Odatda elektrodlar sifatida plastina simlardan foydalaniladi.

Agoroz gelidagi DNK elektroforezi. Agoroza gelidagi DNK elektroforezi DNK qismlarini tozalash va identifikatsiyalash, bo‘linishida ishlatiladigan standart usuldir.

Sotuvda mavjud bo‘lgan agar moddasini turli suv o‘tlaridagi xujayra membranasidan ajratiladi. Uni tarkibida 2ta polisaxarid yani agaroz va agropektin mavjud. Bu polisaxaridlarni bir biridan atsitirlash orqali oson ajratish mumkin. Agoroza suvda qaynatilishi yoki mikroto‘lqinli pechda qizdirilishida suyuq aralashmada eriydi va u suyuqlikning harorati $40^{\circ}C$ gacha tushganda xam suyuq

holatda bo‘ladi. Shundan so‘ng tez suratda quyushadi va u 38oC haroratga tushganda qotadi. Shundan so‘ng agarozaga gelini yana qizdirish orqali eritish mumkin. Agarozaga geli mexanik baquvvat, arzon, toksik bo‘lmagan modda. Agarozaga geli har xil o‘lchamdagi g‘ovakliklardan iborat bo‘lib, ularning o‘rtacha radiusi gelning konsentratsiyasiga bog‘liq. DNK va RNK bo‘linishida agarozaga geli molekulyar elak vazifasini o‘taydi. U tekshirilayotgan polinukleotidlarni ajralishida nafaqat ularning og‘irligini balki polinukleotid molekula holati 1 yoki 2 zanjirdan tuzilganligi, DNK molekulasining to‘g‘ri yoki xalqali shaklda ekanligini aniqlashda yordam beradi. Gelda DNK ni bo‘linish xolatini to‘g‘ridan-to‘g‘ri kuzatish mumkin. Buning uchun gelda DNK chiziqlarini ko‘rish uchun past konsentratsiyali etidium bromid moddasi bilan bo‘yaladi.

Xozirgi kunda agarozaga geli ko‘pincha gorizantal ko‘rinishida ishlatiladi. Bu usulning 4 ta qulayligi mavjud.

1. Agarozaga gelini past konsentratsiyalarini ishlatsa bo‘ladi. Chunki barcha gel tagida tayanch bo‘ladi.
2. Gelni turli o‘lchamdagi shakilda tayyorlash mumkin.
3. Gelni ishlatish va saqlash oson.
4. Gel elektroforezni qimmat bo‘lmagan qo‘lbola qurilmalarda xam ishlatsa bo‘ladi.

DNK ni gorizantal agarozaga geli plastinkalarida elektroforez qilish usuli molekulyar genetikada va biokimyoda ko‘p ishlatiladi. Chunki bu usuldagi reagentlarni topish qulay, usulning oddiyligi va qurilmalarning arzonligi juda kam miqdordagi tozalanmagan ashyodan yetarlicha malumot olish mumkin.

Agarozaga gelidagi elektroforezda DNK ning ko‘chish tezligi quydagi parametrlarga bog‘liq.

a) DNK molekulasi o‘lchami. Qo‘sh zanjirli DNK ni tezligi uning molekulyar og‘irligi logarifmiga teskari proporsional.

b) Agarozaga konsentratsiyasi DNK bo‘laklarining kattaligiga qarab har xil konsentratsiyadagi gellarni ajratish mumkin.

v) elektr maydonning kuchlanishi. Past kuchlanish DNK qisimlari tezligiga

qo'yilayotgan quvvatga to'g'ri proporsional. Lekin kuchlanish ko'paytirilgani sayin elektr maydonda DNK tarkibidagi og'irligi katta qismlar xarakatlanishi differinsial oshadi va agoroza gelidagi DNK bo'linish foydaliligi kamayadi. 6 vG'sm kuchlanishda DNK qismlar ajralishi yaxshiroq bo'ladi.

g) Xarorat. Odatda elektroforez xona xaroratida ishlatiladi, lekin 0.5% li agoroza gelida 4°C xaroratda ishlagan ma'qul.

Agoroza gelini tayyorlash.

1) 0.9 % li agoroza gelini tayyorlash uchun 100 ml o'lchangan elektroforez buferiga tozalangan agoroza kukunini qo'shish kerak.

2) Qorishmani mikroto'lqinli pechda agoroza eriguncha qizdiriladi.

3) Eritmani 50°C xaroratgacha sovitiladi va 5mkl etidium bromid qo'shiladi. Avvaldan tayyorlab qo'yilgan 1mg ml konsentratsiyadagi etidium bromidning suvdagi eritmasi yorug'likdan ximoyalangan idishda 40C xaroratda saqlanadi.

Elektroforez jarayonida etidium bromid mavjudligi uchun qo'sh zanjirli DNK xarakatchanligi 15 % kamayadi, lekin bu jarayonni o'sha vaqtda yoki ajralish tugaganda UB (ultra binafsha) nurlarida ko'rish imkoniyatini beradi.

DNK ni etidium bromidsiz elektroforez qilish kerak bo'lsa uni gelga oldindan qo'shilmaydi. Bunday xolda DNK ajralishi tugagandan keyin agoroza geli plastinkasini etidium bromidli suvga solinadi.

Shuni esdan chiqarmaslik kerakki etidium bromid kuchli mutagenligi tufayli bu rang beruvchi mavjud bo'lgan gelni ishlatish jarayonida qo'lqop kiyish kerak.

4). Agarozali iliq eritmani ixtisoslashgan qo'lbola yoki maxsus shaklli idishlarga quyiladi va idishning yuqori tomonidan boshlab taroq gelga kiritiladi. Gel qotgandan so'ng taroqcha olib tashlanadi va uning o'rnida teshikchalar xosil bo'ladi. Keyinchalik shu teshikchalarga tekshirilayotgan DNK lar qo'yiladi. Teshikchalarning tubida 0.5-1 mm qalinlikdagi agoroza geli qolishi kerak.

5). Gel butkul qotishi uchun uni xona xaroratida 20-30 daqiqa qoldiriladi, so'ngra gel elektroforez kamerasiga solinadi.

6). Elektroforez kamerasiga kerakli miqdorda elektroforez bufferi quyiladi, buferni shunday quyish kerakki gel yuzasi 1 mm qalinlikdagi buffer bilan

qoplanishi kerak. Elektroforez uchun odatda 50 M pH 7.5-7.8 konsentratsiyali muxitga ega, tarkibida tris atsetat, tris barat, tris fosfat mavjud bo'lgan buferdan foydalaniladi. Odatda ularni 5x-10x marta suyultirilgan ko'rinishida tayyorlanadi va xona xaroratida saqlanadi.

Bu tadqiqot ishida elektroforez jarayonini tris barat EDTA (TBE) tarkibli buferidan foydalaniladi. U katta buffer sig'imiga ega va u DNK qismlarini yaxshi ajralishini taminlaydi. 5x martta suyultirilgan 1 l TBE tayyorlash uchun 54gr tris, 27.5 bor kislota, 20 ml 0.5 M EDTA kerak.

7). DNK ni ajralishini gelda kuzatish uchun DNKni gelga quyishdan oldin uni rang beruvchi brom fenol ko'ki yoki kisotsionol bilan aralashtiriladi. Unga uch yuqori konsentratsiyali moddalardan glitsirin, saxaroza yoki fikol qo'shilgan bo'ladi. Buni elektroforez jarayonida gelga DNK ni kiritganda uni gelda quyiqligini oshirish maqsadida qilinadi. Aralashma (DNK brom fenol ko'ki) astalik bilan mikro pipetka yordamida gel chuqurchasiga quyiladi. Yuqoridagi barcha ishlar bajarilgandan keyin elektroforez kamerasini doimiy tok manbaiga ulanadi. DNK molekulasi (-) zaryadga ega ekanligi uchun anod tomonga yuradi.

Odatda buffer 6-10x martta suyultirilgan shaklida bo'ladi. Tadqiqot ishida brom fenol ko'kini DNK bilan aralashtirish uchun quydagi tarkibli buffer ishlatildi. 0.25% brom fenol ko'ki, 0.25% ksiloltsionol, 30% glitsirin va N_2O . Bu tayyor buferni biz odatda 5mkl DNK ga 1mkl buffer qo'shildi. Gel chuqurchalariga bir xil midorda tushmagan yoki katta midorda kiritilgan DNK elektroforez jarayonida kuchlanishni kamaytiradi, natijada hosil bo'lgan DNK chizig'ini notekis ko'rinishda bo'ladi. Gel chuhurchasiga maksimal 5-10 mkl DNK 200-500 mg bo'lishi mumkin.

8). DNK elektroforez jarayoni davomiyligi turlicha bo'ladi. Uni davomiyligi bromfenol ko'ki agaroz gelida uni oxirgi tomoniga borguncha davom etadi. Buni vaqt bilan o'lchaganda 30-40 daqiqa bo'lishi mumkin.

9). Agoroza geli plastinkasini elektroforez kamerasidan olinadi va UB nurlari ostida ko'rib chiqiladi. Bazida DNK ni konsentratsiyasi juda kamligi tufayli u gelda xira ko'rinishi mumkin. Bunday xolatlarda gelni takroran xona xaroratida

etidium bromidli suvda 2-3 daqiqa qoldiramiz. Agaroz gelida DNK ni kuzatishni qulay usuli uni etidium bromid bilan bo'yashdir. Etidium bromidning molekulas DNK asosidagi birikmalar orasida yassi guruh hosil qiladi. Buning natijasida DNK bilan bog'langan rang beruvchi UB nurlarining 590 nm spektri ta'sirida qizg'ish rangda ko'rinadi. Tadqiqot ishida DNK ni ko'rishda Alpha Imager TM 3400 qurilmasidan foydalanildi. (T. A. Adilova 2009)

3.BOB.OLINGAN NATIJALAR VA ULARNING TAHLILI

3.1.G'o'zada miqdoriy belgilarning irsiylanishi

Poligen irsiylikning umumiy printsipli. G'o'zadagi miqdoriy belgilarga xo'jalikda ahamiyatga ega bo'lgan ko'p belgilar — tolanyng uzunligi, miqdori, ko'sakning yirik-maydaligi va boshqalar kiradi. Bunday belgilarga baho berish uchun ularni o'lchash, tortish, sanash kerak bo'ladi. Bu o'lchovlarga asoslanib variatsiya qatori hosil qilinadi. Miqdoriy belgilar poligen hisoblanadi, ya'ni bir xildagi belgining rivojlanishi bir juft gen bilan emas, balki bir xilda tahsir ko'rsatuvchi bir nechta gen bilan tartiblanadi. Bunday genlar polimer gen deb ataladi. Emerson va Smit ishlab chiqqan polimer irsiylik nazariyasiga ko'ra, polimer genlarning ta'siri kuzatiladi. Genlarning har bir aktiv alleli belgining rivojlanishiga teng hissa qo'shadi. Polimer irsiylikning eng muhim xususiyatlaridan biri, birinchi bo'g'indagi duragaylarda dominantlik xolati bo'lmasdan, belgining oraliq xarakterda bo'lishidir.

Agar birinchi bo'g'in duragaylarda aktiv allellar soni ota-onaga nisbatan oraliq xarakterda bo'lsa, ya'ni ularning bir ota-onadagidan ko'p, ikkinchisidagidan kamligi hisobga olinsa, bu holni tushunish oson. Masalan, oddiy modelda navlar $A_1A_1 A_2A_2$ genotip va $a_1a_1 a_2 a_2$ genotip bilan chatishtirilsa, F_1 duragayda genotip $A_1 a_1 A_2 a_2$, belgi esa oraliq xarakterda bo'ladi. Ko'pchilik duragaylarning belgilari ikkinchi bo'g'inda ham oraliq vaziyatda bo'ladi. Agar belgilar ikki juft polimer gen vositasida tartiblansa, u holda ikkinchi bo'g'inda har xil miqdordagi dominant allel bo'lgan beshta genotip $1+4+6+4+1$ nisbatda bo'ladi. Buni Nil'son-Ele qizil bug'doy bilan oq bug'doyni chatishtirib chiqargan duragayda yaqqol ko'rish mumkin.

Agar belgi uch juft polimer gen tufayli tartiblansa, u holda F_2 da genotiplar $1+6+15+20+15+6+1$ nisbatda joylashadi. Bu raqamlarda genotiplarning sonli munosabatlari Nyuton binomining ajralish koeffitsientlariga to'g'ri keladi. Agar belgi ko'p sondagi genlar tufayli tartiblansa, ikkinchi

bo'g'inda variatsiya qatorining binom egri chizig'i xosil bo'lmay, egri chiziq ohista ko'tarilib normal variantga yaqinlashadi.

Fenotipik sinflar asta-sekin biri ikkinchisiga o'tadi. Poligen irsiylikda ikkinchi bo'g'inda ota-ona formasini takrorlovchi juda oz nusxa ajralib chiqadi. Ikki genli resessiv ota-ona tipi 1:15 nisbatda, uch genli tipi 1:64 nisbatda, to'rt genli tipi esa 1:256 va shuning kabi nisbatda uchraydi. Polimer genlar ko'p bo'lganda ota-ona tiplari ykkinchi bo'g'inda asosan uchramaydi. SHunday qilib, ikkinchi bo'g'inda ajralib chiquvchi ota-ona o'simliklar tipiga qarab belgilarning polimerlik darajasiga bevosita baho berish mumkin.

Duragaylar miqdoriy belgilarga qarab ota-ona formalar o'rtasida oraliq o'rinda bo'lsa ham, xuddi shu belgilar asosida bo'g'inlarda ajralish borasida ota-ona formalardan afzal individ paydo bo'ladi. Bu xossa transgressiv ajralish deb aytiladi. Ajralishda traisgressiv variantlar ota-ona formalar variatsiya qatorining eng oxiridan joy olishi kuzatiladi va fenotipda har xil tuzilgan genotiplar joylashadi. Masalan, ikkita navning genetik formulasi har xil bo'lishiga qaramay, belgilari bir xil bo'lib ko'rinishi mumkin. Uch lokus modelida AAVVss, AAvvSS, aaVVSS genotiplar bir xilda natija beradi. Bu navlar chatishtirilganda ikkinchi bo'g'inda AAVVSS genotipga ega bo'lgan ayrim o'simliklar ajralib chiqishi mumkin.

Transgressiv, ya'i har ikkala ota-ona formasidan afzal gomozigota o'simliylarni aniqlash uchun juda ko'p duragay populyatsiyasi kerak bo'ladi, chunki bunday o'simliklar ko'p emas. G'o'zada vegetativ davrning uzunligiga qarab transgressiv ajralish beradi. 149-f va S—8255 ota-ona navlari bir xilda ertapishardir. Biroq bu belgining tuzilishi har xil. S8255 navda g'unchalash davri, 108-f da esa ko'saklarning yetilish davri qisqa bo'lib, ikkinchi bo'g'inda har ikkala ota-onaga qaraganda ham tez yetiladigan o'simliklar ajralib chiqadi. Bu o'simliklar har ikkala ota-onadagi qisqa fazali o'zida mujassamlashtiradi.

Olimlarning tekshirishlari natijasida bulardagi ertapisharlik belgisi genetik jihatdan mustahkam ekanligi tasdiqlandi. Transgressiv ajralish uzoq turlarni duragaylashda, masalan, madaniy navni yovvoyi forma (*G. hirsutum.ssp. mexicanum*) bilan chatishtirishda ham kuzatiladi. Transgressiv ajralish g'o'zaning xo'jalikda qimmatli bo'lgan boshqa belgilari — ko'sagining yirik-maydaligi, tolasining uzunligiga, salmog'iga qarab ham ro'y beradi. Bu hodisa seleksioner uchun katta ahamiyat kasb etib, g'o'zaning yangi navlarini chiqarish uchun asos bo'ladi. Agar belgini tartiblovchi polimer genlar ko'p bo'lsa, u holda ular sonini yoki ularning xromosomada to'planishini sifat belgilar uchun ishlab chiqilgan oddiy genetik analiz usuli bilan aniqlash mumkin emas.

Poligen belgilarni genetik jihatdan analiz qilishdagi qiyinchiliklar quyidagilardan iborat:

1. Miqdoriy belgilarning o'zaro bog'lanishi poligenlarning birikishi yoki pleyotrop natija tufayli ro'y berib, u vaqtda bitta genning ta'siri ko'p belgilarga tarqalgan bo'ladi. Genlarning birikishi irsiylik xarakterini o'zgartiradi. Poligenlar juda turli-tuman va ko'p sonda poligen zanjir variantlarini xosil qilishi mumkin, bu esa genetik analiz olib borishga xalaqit beradi.

2. Miqdoriy belgilar o'simliklarning o'sish sharoitiga qarab juda o'zgaradi. Bunday o'zgaruvchanlik paratipik yoki modifikatsion o'zgaruvchanlik deb ataladi. Masalan, g'o'za bargining rangi, shoxlanish tipi, barglarining o'yilish darajasi, tolasnning rangi kabi sifat belgilari ancha turg'ui bo'lib, suv bilan tahminlash yoki mineral oziqlantirish kabi faktorlar tahsirida deyarli o'zgarmaydi.

Vegetatsiya davrining uzoqligi bo'yicha traisgressiv ajralish ham g'o'zaning qizil bargli navida barg qizilligicha qoladi. SHu bilan bir vaqtda agrotexnika faktorlari hosildorlikka, ertapisharlikka, tolaning salmog'iga, uzunligiga, sifatiga va boshqa miqdoriy belgilarga juda kuchli tahsir ko'rsatadi. Muxit sharoiti ta'siri ostidagi o'zgaruvchanlik xakteri poligen irsiylikdagi o'zgaruvchanlik irsiyatiga o'xshashdir. Har qanday populyatsiyada,

shuningdek, genetik jihatdan bir xildagi navlarda miqdoriy belgilar o'zgaruvchan bo'ladi.

Agar har qanday navga mansub 100 ta g'o'za paxtasi tolasining uzunligi o'lchansa, u holda ko'pchilik o'simliklar ko'rsatkichlariga qarab bir-biridan farq qilishiga, ammo variatsiya egri chizig'i normal egri chiziqqa yaqinlashishiga, yahni eng ko'p o'simlik variatsiya qatorining o'rtasida joylashishiga ishonish qiyin emas. Duragay populyatsiyasida va umuman genetik bir xilda bo'lmagan har qanday populyatsiyada kuzatiladigan o'zgaruvchanlik genetik va paratipik o'zgaruvchanlik natijasidir. Binobarin, paratipik o'zgaruvchanlik ayniqsa bir xil bo'lmagan sharoitda kuchayib, irsiy o'zgaruvchanlikni qoplashi yoki ko'p xollarda tanlanadigan genotiplar haqida noto'g'ri tushuncha hosil qilishi mumkin.

Masalan, agar irsiy jihatdan uzun tolali yoki serhosil forma suv kamchil sharoitda va aksincha qisqa tolali yoki kamhosil formalar suv bilan normal tahminlangan sharoitda tasodifan o'ssa, u holda fenotipiga qarab, birinchi forma ikkinchisidan ustunlik qilib, tanlanish natijasi xato bo'lib chiqadi. Uzgaruvchanlikning variatsion o'zgaruvchanlik (z^2 , z , t_n , $V\%$) ni xarakterlovchi birorta ham statik ko'rsatkichi belgining o'zgaruvchanligi qay darajada individlarning genetik farqi bilan va qaydarajada parvarish qilish sharoiti bilan belgilanishini aniqlash imkonini bermaydi. Buning uchun populyatsiyaning tuzilishini analiz qilishning maxsus genetika-statistika usuli ishlab chiqilgan (Fisher, 1933; Mazer, 1949; Turbin, 1966 va boshqalar). Populyatsiyada belgilarning fenotipik o'zgarishi uning genetik jihatdan bir xilda emasligi va muhit sharoiti ta'sirida sodir bo'lgan paratipik o'zgaruvchanlik natijasidir.

Ertapisharlik strukturasi murakkab belgi bo'lib, bir qancha elementlar: vegetativ fazaning, shuningdek shonaning gulga va bir kunlik tugunchaning ochilgan ko'sakka aylanishi uchun zarur bo'lgan davrning uzoqligi bilan belgilanadi. G'o'za 50% shonaga, gulga kirgan va 50% ko'sagi ochilgan muddat fazalar orasidagi davrning o'lchovi hisoblanadi.

Birinchi hosil shoxining joylanish balandligi (hs) ertapisharlikning morfologik ko'rsatkichi hisoblanadi. Shona, gulxosil bo'lishi va ko'saklarning ochilish tezligi ertapisharlikning muhim elementidir. Bu shonalash, gullash va ko'saklar yetilishining qisqa va uzoq davrlari bilan ifodalanadi. Ertapisharlik, umuman olganda, tuproq-iqlim sharoiti va agrotexnika darajasiga qarab ancha ko'p o'zgaradi. Azot ko'p berilsa va yer ko'p sug'orilsa, g'o'zaning yetilishi nihoyatda kechikib ketadi. Ertapisharlik elementlarining o'zgaruvchanligi turli yashash sharoitida bir xilda emas — masalan, birinchi hosil shoxining joylanish balandligi yoki g'unchalashdan to gullashgacha bo'lgan davrning uzunligi paratipik o'zgaruvchanlikka nisbatan kam uchragan, boshqasi — gullashdan to yetilishgacha bo'lgan davrning uzunligi esa namlik, temperatura, yorug'lik, tupga shamol tegishi va boshqa faktorlarga qarab kuchli o'zgaradi. Shunday qilib navlar va duragay populyatsiyalar ertapisharligining o'zgaruvchanligi irsiy va irsiy bo'lmagan o'zgaruvchanlik natijasidir. Genetik analiz qilishda buni hisobga olish kerak.

Ko'pchilik olimlarning fikriga ko'ra, vegetativ fazaning uzoqligi uncha ko'p bo'lmagan genlar tomonidan tartiblanadi, binobarin fazaning erta boshlanishi kech boshlanishidan ustunlik qiladi. G'o'zaning g'unchalay boshlashi yoki vegetativ fazaning uzoqligi birinchi hosil shoxining joylanish balandligi bilan nisbiy bog'langan bo'ladi. Hs qancha baland bo'lsa, g'unchalash shunchakech boshlanadi. Hs ning irsiyligini o'rganish ertapisharlikning boshqa elementlarini o'rganishga qaraganda osonroq, chunki navlar populyatsiyasida uning o'zgaruvchanligi 3—4 bo'g'imdan oshmaydi.

Tekshirishlardan shu narsa ma'lum bo'ldiki, G. hirsutum turining birinchi hosil shoxlari past —3—5- bo'g'imda joylashadigan navlari hosil shoxlari baland 8—10- bo'g'imda joylashadigan navlar bilan chatishtirilsa, birinchi bo'g'in duragaylarda past hs ustunlik qilar ekan. Duragaylar oraliq o'rinni egallagan bo'lishi ham mumkin, biroq deyarli har doim hs past bo'lgan ertapishar ota-ona tomonga o'zgaradi.

Vegetatsiya davrining uzoqligi genetik jihatdan murakkab belgi bo'lib, muhit sharoiti tahsirida o'zgarib turganidan uning irsiyligi ham yuqori emas. Avtorning mahlumotiga ko'ra, ikkinchi bo'g'inda har xil duragay kombinatsiyalarda F₂ 0,178 dan 0,267 gacha o'zgarib turadi. Bu, o'zgaruvchanlikning qariyb 20% irsiy xarakterda bo'lib, qolgan o'zgaruvchanlik irsiylanmaydigan paratipik xarakterda demakdir. Past darajadagi irsiylik ham g'o'zadagi vegetatsiya davrining uzoqligi genetik jihatdan murakkab belgi ekanligini isbotlaydi.

Agar yetilish muddatlari keskin farq qiluvchi *G. hirsutum* *G. barbadense* turlari chatishtirilsa, F₁ odatda oraliq o'rinni egallaydi, binobarin, vegetativ organlar geterozisi keskin ifodalangan kombinatsiyalarda ular ota-onasiga nisbatan kechpishar bo'lpshi mumkin. Deyarlik hamma belgilarida kuchli geterozisga ega bo'lgan turlararo duragaylarda ertapisharlikka oid geterozis kuzatilmaydi. Ertapishar duragaylar olish uchun *G. barbadense* turining eng ertapishar navlari, cheklangan darajada o'sadigan va vegetativ massali S—6022, S—6030 tipdagi navlar chatishtirilishi kerak. Ikkinchi bo'g'inda hamma belgilariga, shu jumladan, ertapisharligiga qarab ajralish ro'y beradi. Natijada *G. barbadense* x *G. hirsutum* tipga xos va oraliq belgilariga ega o'simliklar ajralib chiqadi, keyingilari esa navbatdagi bo'g'inlardan yana boshlang'ich turlarga ajraladi. Odatda *G. hirsutum* turining belgilariga ega bo'lgan duragaylar *G. barbadense* turiga mansub duragaylarga Karaganda ancha ertapishardir. Biroq belgining turlar belgisiga qarab bu tariqa ajralpshiga qoida sifatida qarab bo'lmaydi.

Tola uzunligining irsiyligi. Paxta tolasining uzunligi g'o'zani parvarish qlish sharoitiga, sug'orish, o'g'itlash, temperatura rejimi va shu kabilarga qarab juda o'zgaruvchan bo'ladi. Tola uzunligi bitta o'spmlikda ko'sakning joylanishiga qarab, chanoqlarda va hatto chigitda ham o'zgargan bo'ladi.

CHigitdagi farqi 5—6 mm gacha bo'lishi mumkin. Tupning o'rta qismidagi ko'saklarda, chanoqlarning markazida joylashgan chigitda, chigitning xalaza qismida tolalar odatda eng uzun bo'ladi.

Genetik jihatdan analiz qilishda bu o'zgaruvchanlikni hisobga olish kerak. Paxta tolasi uzunligining irsiyligi XX asr boshlaridan o'rganila boshlandi. G'o'za tolasi uchun ekiladi, shu sababli tolaning uzunligiga qiziqish katta bo'ladi. Turlararo va tur ichida chatishtirish natijasida olingan duragailarning birinchi bo'g'inida tola uzunligi oraliq o'rinda bo'lib, ko'proq uzun tolali ota-ona tomonga o'zgaradi.

Uzun tolali navlar chatishtirilganda duragaylarda bu belgiga nisbatan geterozis kuzatiladi, ya'ni ularning tolasi ota-onasinikidan xam uzun bo'lishi mumkin. Ikkinchi bo'g'indagi duragaylarda tolaning uzunligi ota-ona formanikiga nisbatan oraliq o'rinni egallaydi. Odatda o'rtacha ko'rsatkichlarga qaraganda, F2 duragaylar tolasi F1 duragaylarnikiga nisbatan kaltaroq bo'ladi. Ikkinchi va undan keyingi bo'g'inlarda ota-ona formalarga nisbatan tolasi birmuncha uzun o'simliklar ajralib chiqishi mumkin, ya'ni transgressiv ajralish ro'y beradi. Transgressiv seleksiya yo'li bilan uzun tolali o'simliklar olinganligi to'g'risida juda ko'p misollar keltirish mumkin. Seleksioner Ye. A. Arkatova 138-f bilan S—5405 navlarini chatishtirib olingan duragay populyatsiyasidan 133 navni chiqargan va rayonlashtirgan. Bu nav paxta tolasining sifati va uzunligiga ko'ra har ikkala ota-ona formadan afzal. 138-f navi tolasinnng uzunligi 34—35 mm bo'lib, sifati V sanoat tipiga yaqin, biroq pishiqligi past: 4,0—4,2 gr orasida. S—5405 navi tolasining uzunligi 32—33 mm bo'lib, sifati V sanoat tipiga kiradi. 133 navi tolasining uzunligi 36—38 mm, metrik № 6280, pishikligi 5,2 gr, cho'zilish uzunligi 32,4 mm, tola III sanoat tipiga mos keladi, ya'ni har ikkala ota-onasidan afzal. Uzun tolali 24 navi shunday yo'l bilan chiqarilgan. Avtorning ma'lumotiga ko'ra, F2 da tola uzunligining irsiylanishi bog'lanish koeffitsientiga qarab har xil kombinatsiyalarda yuqori hisoblanib, $g = 0,44—0,60$ orasida o'zgarib turadi va F3 da ham taxminan xuddi shu darajada saqlanadi. F2 oilalarida material genetik jihatdan bir xilda emas, birmuncha qisqa tolali oilalardan uzun tolali nusxalar ajralib chiqishi mumkin, ba'zan buning aksi bo'ladi

SHubhasiz, belgini tartibga soluvchi genlarning sonini aniq raqamlarda bilish mumkin emas, biroq duragay avlodning holatiga belgining irsiylanish ko'rsatkichlariga qarab, ular poligen xarakterda ekanligiga ishonch hosil qilish mumkin. Agar *G. hirsutum* x *G. barbadense* turaro chatishtirilsa, odatda birinchi bo'g'in duragayda tolaning uzunligi va yuqori sifati ustunlik qiladi. Bu belgiga qarab turlararo chatishtirish yuli bilan turni yaxshilash mumkin. G'o'za seleksiyasidagi bunday foydali yo'l seleksionerlarga keng imkoniyatlar ochib beradi.

Tola miqdorining irsiylanishi: Tola miqdori murakkab belgi bo'lib, chigitning vazni va tolaning indeksi bilan aniqlanadi. Tola indeksi 100 dona chigit tolasining gramm hisobidagi vazni bo'lib, u chigitning yirik-maydaligiga hamda chigitda tolalarning joylanish zichligiga bog'liq. Tola miqdori irsiy belgi bo'lib, nav va turga mansublik bilan aniqlanadi. Nav doirasida bu belgi kuchli paratipik o'zgaruvchanlikka uchragan, u o'simlikda ko'sakning va chanoqlarda chigitning joylanishiga qarab o'zgaradi.

O'simlik tupining o'rta qismida joylashgan ko'saklarda va chanoqning yuqori tomonida joylashgan chigitda tola miqdori ko'p bo'lib, tupning chekka qismida joylashgan ko'saklardagi chigitda tola miqdori chigit vaznining, indeksining pasayishi hisobiga kamayadi. Nav doirasida tola miqdori iqlim va tuproq xususiyatlariga, meteorologik sharoitga hamda agrotexnikaga qarab kuchli o'zgaradi. Bu holda tola miqdorining o'zgaruvchanligi 3—4% va ko'proq bo'lishi mumkin. Havo namligi uyqori bo'lgan, suv bilan yaxshi tahminlangan rayonlarda odatda chigit vaznining ortishi hisobiga tola miqdori kamayadi. Aksincha, qurg'oqchil sharoitda chigit vaznining kamayishi hisobiga tolamiqdori ortadi; chigitning vazni indeksining keskin pasayishi bilan bir vaqtda kamaygan hollarda tola miqdori ham kam bo'lishi mumkin. Agar tola miqdori kam navlar tola miqdori ko'p navlar bilan chatishtirilsa, birinchi bo'g'in duragayning tola miqdori o'rtacha bo'ladi. Agar ota-ona belgisi har xil tuzilishda bo'lsa, chigiti mayda, past indeksli nav chigiti yirik, yuqori indeksli nav bilan chatishtirilganda,

duragayda har ikkala belgilar kombinatsiyasi ro'y berib, ota-ona formaga nisbatan ko'p miqdorda tola chiqishi mumkin. CHigitlar vazniga ko'ra geterozis hodisasi kuzatilsa, ota-ona formalarga qaraganda duragaylarda tola kam miqdorda bo'lishi ham mumkin. SHunday qilib, F1 duragaylardagi tola miqdori chigitning yirik-maydaligi va tola indeksining irsiyligiga qarab aniqlanadi. Ikkinchi va undan keyingi bo'g'inlarda murakkab ajralish ro'y beradi. Bunda transgressiya, ya'ni ota-onaga qaraganda afzalroq o'zgarmas individ paydo bulishi mumkin.

Tola miqdoriga ko'ra transgressiv ajralishni 30- yillardayoq V. I. Kokuev aniqlagan edi. Richmondning aytishicha, tolaning miqdori modifikator genlar sistemasi bilan tartiblanar ekan, bularning har biri belgining namoyon bo'lishi uchun qisman bo'lsa ham tahsir ko'rsatadi. Agar g'o'zaning oddiy navlari tolasiz (mutlaqo yalang'och) mutantlar bilan chatishtirilsa, tolasizlik butunlay ustun bo'ladi. Ikkinchi bo'g'inda mutlaqo tolasizlikdan tortib to ko'p miqdordagi tolali o'tkinchi gruppalar ajralishi kuzatiladi, bu esa asosiy genlardan tashqari modifikator genlar seriyasi borligini ko'rsatadi.

Ko'sak yirik-maydaligining irsiylanishi: Ko'sakning yirikmaydaligi (bitta ko'sakdagi paxtaning vazni) murakkab belgibo'lib, chanoqlar soniga (ko'sakning uyalari soniga), chigitning soni va vazniga, tola indeksiga bog'liq. Bu belgilarning har biri bir-biriga mutlaqo bog'lanmay irsiylanadi hamda duragayning bitta ko'sagidagi paxtaning vazni struktura elementlarining qayta kombinatsiyalanishiga bog'liq bo'ladi.

Sanoat navlari bitta ko'sakdagi paxtaning vazniga qarab farq qiladi. G. hirsutum L. turining navlarida bitta ko'sakdagi paxtanin gazni 3 g dan to 8—10 grammgacha bo'ladi. G. barbadense L. turdagi navlarda esa bitta ko'sakdagi paxtaning vazni 2 dan 4 grammgacha o'zgaradi. Agar ko'saklarning yirikligiga qarab bir-biridan keskin farq qiladigan navlar chatishtirilsa, birinchi bo'g'in duragaylar ota-ona formalar o'rtasida oraliq o'rinni egallaydi. Xuddi shunday hol turlararo chatishtirishda ham kuzatiladi.

3.2. Markerlarga asoslangan seleksiyaning ahamiyati

Marker bu o'rganilayotgan belgiga genetik birikkan yoki unga yaqin joylashgan nishon hisoblanib, u belgi bilan birga keyingi avlodga o'tadi. Mamlakatimizda o'simliklarning an'anaviy seleksiyasini bir necha marta tezlashtiradigan samarali «markerlarga asoslangan seleksiya» (MAS) texnologiyasini yaratish imkonini berdi. MAS – o'simliklar genomi molekulasida (molekulyar marker) asosidagi muayyan belgili seleksiyadir. Marker ma'lum bir xususiyatni aniq belgilaydigan mahsulot hisoblanadi.

Boshqacha aytganda, bunday molekulyar markerlar yordamida mavsum boshidayoq eng yaxshi ekinlarni saralab olish mumkin. Yana bir muhim jihat shundaki, molekulyar markerlar yordamida bir o'simlikda bir necha foydali va zarur genlarni jamlash imkoniyati mavjud.

Seleksiyaning zamonaviy usullaridan biri Markerlarga asoslangan seleksiya (MAS) usuli yordamida biror xo'jalik-qimmatli belgilarni navlarga kiritish va va shu usul yordamida yangi belgilari barqaror bo'lgan navlarni yaratish uchun 6-7 yil muddat yetarli hisoblanadi. Seleksiyaning oddiy usullari bilan taqqoslaganda MAS usuli seleksion jarayonlar vaqtini qisqartiradi va unga talab etiladigan sarf xarajatlar miqdorini sezilarli darajada kamaytiradi. Buning uchun xo'jalik qimmatli belgilarni boshqaruvchi gen va lokuslarni topish va xaritalash kerak bo'ladi.

Seleksiya yoki kartalashtirish loyixalari uchun DNK markerlar sinfining afzalliklariga etibor qaratgan xolda mos keluvchi DNK markerini tanlab olish zarur. Miqdoriy va sifat belgilarini kartalashtirish belgilarni bir individdan ikkinchi individga introgressiya qilish, germoplazmani tahlil qilish kabi tadqiqotlar turli xil uslubiy yondashuvni (turli markerlar tizimi qo'llanilishini) talab etadi. Tadqiqot uchun bir nechta markerlar turlarining qo'llanilishi va ularning samara berishi ularning ikki hil xususiyati bilan baholanadi: birinchisi, markerning populyatsiyadagi individlar o'rtasidagi tafovutni namoyon qila olishi; ikkinchisi, genomdagi marker chastotasi (ya'ni bitta reaksiyada marker tomonidan bir nechta lokus taxlil qilinishi mumkin). Oddiy takrorlanuvchi ketma-ketliklar (ingl. SSR—simple sequence repeat, m-n: ikki nukleotid takrorlanuvchi ketma-ketliklar

CGCGCGCGCG; TATATATA; uch nukleotid takrorlanuvchi ketma-ketliklar ACTACTACTACT) markerlari boshqa markerlarga nisbatan yuqori geterozigotaliligi sababli ular individlar o'rtasidagi tafovutni aniqlash kabi maqsadlar uchun keng qo'llaniladi va birmuncha samarador marker sinfi xisoblanadi. (Abduraxmonov.I.Yu., 2002).

MAS texnologiyasi an'anaviy seleksiyadan farqli ravishda ekin maydonida zararli o'simliklarga qarshi sarf-xarajatlarni qisqartirish, seleksiya jarayonini bir necha marta tezlashtirish, uning samaradorligi va aniqligini oshiradi. Masalan, seleksioner viltga chidamlilik markeriga ega bo'lsa, g'o'za bargini sinovdan o'tkazish orqali o'simlikning kasallikka chidamliligini aniqlashi mumkin. Bunda kasallikka chidamlilikni va kasallik alomatlarining paydo bo'lishini aniqlash uchun butun g'o'za populatsiyasini vilt bilan zararlantirishga hojat yo'q. Eng muhimi, MAS texnologiyasi qisqa muddatda istalgan nav DNKsiga bir paytning o'zida genlarning yangi fragmentlari va guruhini kiritish imkonini beradi. Buning samarasida navning moslashuvchanligi, barqarorligi va chidamliligini belgilaydigan genetik xilma-xilligi yanada kengayadi.

MAS navlarining joriy etilishi esa mamlakatimiz paxtachiligini ham barqaror rivojlantirishni ta'minlashi shubhasiz. Eng muhimi, bunday zamonaviy texnologiyalarning qishloq xo'jaligi seleksiyasi amaliyotiga joriy etilishi dunyo miqyosida O'zbekiston seleksiya ilm-fanining nufuzi va raqobatbardoshligini oshiradi. Ayni paytda markazda MAS texnologiyasi bug'doy va uzum navlarini yaxshilash uchun ham qo'llanilmoqda. Kelajakda qishloq xo'jaligi ekinlarining gen-nokaut va MAS navlarini yaratish uchun yangi texnologiyalarni joriy qilish davom ettiriladi.

Davlatimiz tomonidan bu boradagi ishlar qo'llab-quvvatlanib, innovatsion faoliyatni yanada rivojlantirishga alohida e'tibor qaratilayotgani hamda ushbu yo'nalishdagi ustuvor vazifalarni hal etishga qodir iste'dodli yosh olimlar yetishib chiqayotgani biotexnologik tadqiqotlarni chuqurlashtirish, qishloq xo'jaligi fanini yuksaltirish, xalqimiz hayot darajasi va sifatini oshirish, pirovardida Vatanimiz taraqqiyotiga xizmat qiladi.

Molekulyar markerlar xromosomalar segmentlaridan iborat bo'lib, ular nafaqat ayrim belgilarni kodlash va tashqi omilarning o'zgarishi natijasida hosil bo'lgan belgilarni ko'rsatibgina qolmay balki shu belgilar Mendel qonuni asosida avloddan avlodga o'tadi. Natijada yaqin qarindosh turlar uchun tez o'zgaruvchi markerlar va uzoqroq turlar uchun sekin o'zgaruvchi markerlar ishlatish tafsifiya etiladi.

Shu asosda, turli tipdagi markerlar ayrim guruhdagi aholini barmoq izlari aniqlash bir qancha afzalliklarga ega bo'ladi. Bundan tashqari, yaxshi markerlar yordamida barmoq izlarini aniqlash ancha arzon bo'ladi yoki bir harakatlanishidan juda ko'p ma'lumotlar berishi mumkin; bu ma'lumotlar har analizlar orasida takrorlanadi; tajribalar xatolari juda kam hamda oson kechadi; va o'zida ko'plab allellar saqlaydi (yuqori informatsiyaga ega bo'lgan kontent). Quyida genetik xilma-xillikni aniqlashda eng ko'p foydalaniladigan markerlar keltirilgan.

RFLP (polimorfizm uzunligi restriksion qismlari) SSR(oddiy takrorlanuvchi ketma-ketlik yoki mikrosatellitlar). RAPD Bu turli guruhdagi molekulyar markerlari o'zining potentsialligi bilan farq qilib, individlar o'rtasidagi farqi, ularning qiymati, kerakli jixozlar shuningdek, ketma-ketlik va takrorlanuvchi natijalarni ko'rsatib beradi.

RAPD markerlari (Random Amplified Polymorphic DNA - Tasodifiy Amplifikatsiyalangan DNKlar Polimorfizmi) PZRga (Polimeraza Zanjir Reaksiyasi) asoslangan bo'lib, usulning asosiy mohiyati DNK regionlarining qisqa (10 nukleotidgacha) erkin oligonukleotidlar tomonidan tasodifiy amplifikatsiyalanishi bilan belgilanadi. Praymerlarning kerakli uchastkalarga borib (gibridizatsiya) juda yumshoq sharoitda amalga oshiriladi. RAPD praymerlari DNKning o'ziga komplementar bo'lgan uchastkasi bilan bog'lanadi va amplifikatsiya ikkala zanjirda ikki yo'nalish bo'ylab amalga oshadi. Praymerlanish o'rtacha holda har bir million juft asosga bir marta to'g'ri keladi. Bitta praymer tegishli tur yoki individuum DNK o'xshash uchaskasiga bog'liq holda bir necha PZR mahsulotlari berishi mumkin. RAPD markerlari odatda populyatsiyaning

genetik strukturasini o'rganishda yoki genetik kartalashtirishda foydalanilishi mumkin.

RAPD-markerlari boshqa tip markerlariga nisbatan ancha arzon, sodda va qulayligi bilan ajralib turadi. Bu usulda radioaktiv moddalar ishlatilmaydi, probalarni tayyorlash uchun maxsus tayorgarlik talab qilinmaydi va hattoka DNK ketma-ketligini ham oldindan bilish shart emas. Biroq bu markerlardagi kamchilik ularning dominatligida va bu geterozigota ni gomozigotadan farqlashda va buning natijasida esa allellar chastotasini aniqlashda ancha qiyinchiliklar keltirib chiqaradi.

AFLP – Amplified Fragment Length Polymorphism (Amplifikatsiyalangan Fragment Uzunligi Polimorfizmi). Bu usul amprifikatsiya va restriksiya etaplaridan tashkil topgan bo'lib eng avvalo genom DNKsi restriktazalar nabori (odatda, ikki 4 va 6 nukleotidlar ketma-ketligini taniydigan restriktazalar juftligi) bilan ishlanadi. Hosil bo'lgan fragmentlarga adapterlar ulanadi. So'ngra adapter praymerlari yordamida amplifikatsiyalanadi va undan keyin esa 3' uchida restriksiya saytiga tegishli bo'lgan uch erkin nukleotid tutuvchi adapter ketma-ketligiga mos praymerlar yordamida selektiv amplifikatsiya o'tkaziladi. Tripletlar amplifikatsiyani restriksion fragmentlarning ba'zi qismlari bilan ta'minlaydi. Bu usul yordamida nukleotid ketma-ketligini bilmasdan turib ham katta miqdordagi SNPlarni tahlil qilish mumkin. AFLP markerlarini qo'llab Genetika va Bioinformatika institututida bir necha o'zbek navlarining molekulyar-genetik pasporti yaratilgan.

Mikrosatellitlar yoki SSR (SSR – Simple Sequence Repeat - Oddiy takrorlanuvchi ketma-ketliklar). SSRmarkerlari o'zining yuqori polimorfiligi hamda bilan boshqa markerlardan ajralib turadi. Mikrosatellitlar hattoki yaqin qarindosh bo'lgan individuumlar lokusarida ham yuqori polimorfizm namoyon etadi. (Tautz 1989). Mikrosatellit ketma-ketliklari odatda dinukleotid (AC)_n, (AG)_n, (AT)_n; trinukleotid (CGG)_n, (GCC)_n, (TCT)_n, (TTG)_n; tetranukleotid (TATG)_n va h-o bo'lib, “n” – mikrosatellit lokuslar ichidagi ketma-ketlikliklari takrorlarining miqdorini bildiradi. O'simliklarda eng ko'p uchraydigan

mikrosatellit takrorlar (AT)_n, hayvonlarda esa (AC)_n ekanligi olimlar tomonidan qayd etilgan. Mikrosatellitlar genlar ekspressiyasi regulatsiyasida, rekombinatsiyasida, gen konversiyasida va jinsning aniqlanishida ishtirok etishi taxmin qilinadi.

Ba`zi olimlarning ta`kidlashicha mikrosatellitlarning yuqori stabiligi sabab ularni genetik markerlashda, populyatsion tadqiqotlarda va hattoki genom daktiloskopiyasi usulidan foydalanib shaxsning identifikatsiyasida ishlatilishi mumkin. Mikrosatellit markerlardan foydalanib tadqiqotchi va olimlar tomonidan bir qancha ilmiy tadqiqotlar olib borilgan. Xususan genomni kartalashtirish, o`simliklarda qimmatli xo`jalik belgilarga javob beruvchi QTL lokuslarini aniqlash, turlarning bir-birlari bilan filogenetik qardoshligini aniqlash kabi ishlar bunga misol bo`la oladi. Mamlaktimiz olimlari tomonidan ham ushbu markerlar tizimidan foydalanib bir qancha halqaro darajadagi tadqiqotlar amalga oshirilgan. Jumladan g`o`zaning tabiiy holdagi barg to`kishi, tola chiqimi, sifat ko`rsatkichlari, fotoperiodik gullash kabi belgilari SSR markerlari tomonidan tadqiq qilingan (A.

KAPS - (Cleaved Amplified Polymorphism - Parchalangan Amplikonlar Polimorfizmi) va dKAP (ishlab chiqilgan CAP). Polimorfik restriksiya saytini RFLP usuli bilan aniqlash kerakli fragmentni va parchalash uchun unga mos keladigan ferment tomonidan PTSR-amplifikatsiyasida amalga oshiriladi. KAP markerlari gen-spetsifik markerlar hisoblanib kerakli gen amplifikatsiya mahsulotida mavjud bitta nukleotid polimorfizmiga asoslangan. Eng avval o`rganilayotgan belgi uchun javob beruvchi javob beruvchi gen klonlanadi va sikvens qilinadi. Undan so`ng ketma-ketligi aniqlangan uchastka internet ma`lumotlar bazasida mavjud SNPga va ushbu SNP restriksiya saytini aniqlash uchun teshirib ko`riladi. Nazariy tomondan yovvoyi tip yoki mutant ketma-ketligi SNP tufayli endonukleazalarga ta`sirchanligi bilan farqlanishi va shu sababli spetsifik endonukleazalar (restriktazalar) tomonidan parchalanishi (kesilishi) mumkin. Agarda SNP mavjud restriktazalar bilan kesiladigan bo`lsa marker yaratish mumkin. Aksincha restriksiya sayti mahsulotda mavjud bo`lmasa u holda SNP yoniga sun`iy ravishda restriksiya sayti kiritiladi va bu dKAP deb ataladi.

Garchi biroz kamchiliklari bo'lsada, o'zining oddiyligi va ishonchliligi bilan bu metod ancha keng tarqalgan va ommabopdir. Uning kamchiliklaridan biri restriksiya saytlarida faqat

STS – (Sequence Tagged Site – sikvens qilingan saytlar). STS – bu DNKning kalta (200-500 j.a.), noyob ketma-ketliklaridir. STS ketma-ketliklari genetik polimorfizmni topish yo'lida ishlatiladigan fragmentlar restriksiyasi, DNK fragmentlarining, zondlarning klonlanishi kabi analizlarda foydalaniladi.

3.3. DNK markerlari yordamida g'o'zaning flogenetik qarindoshligini aniqlash

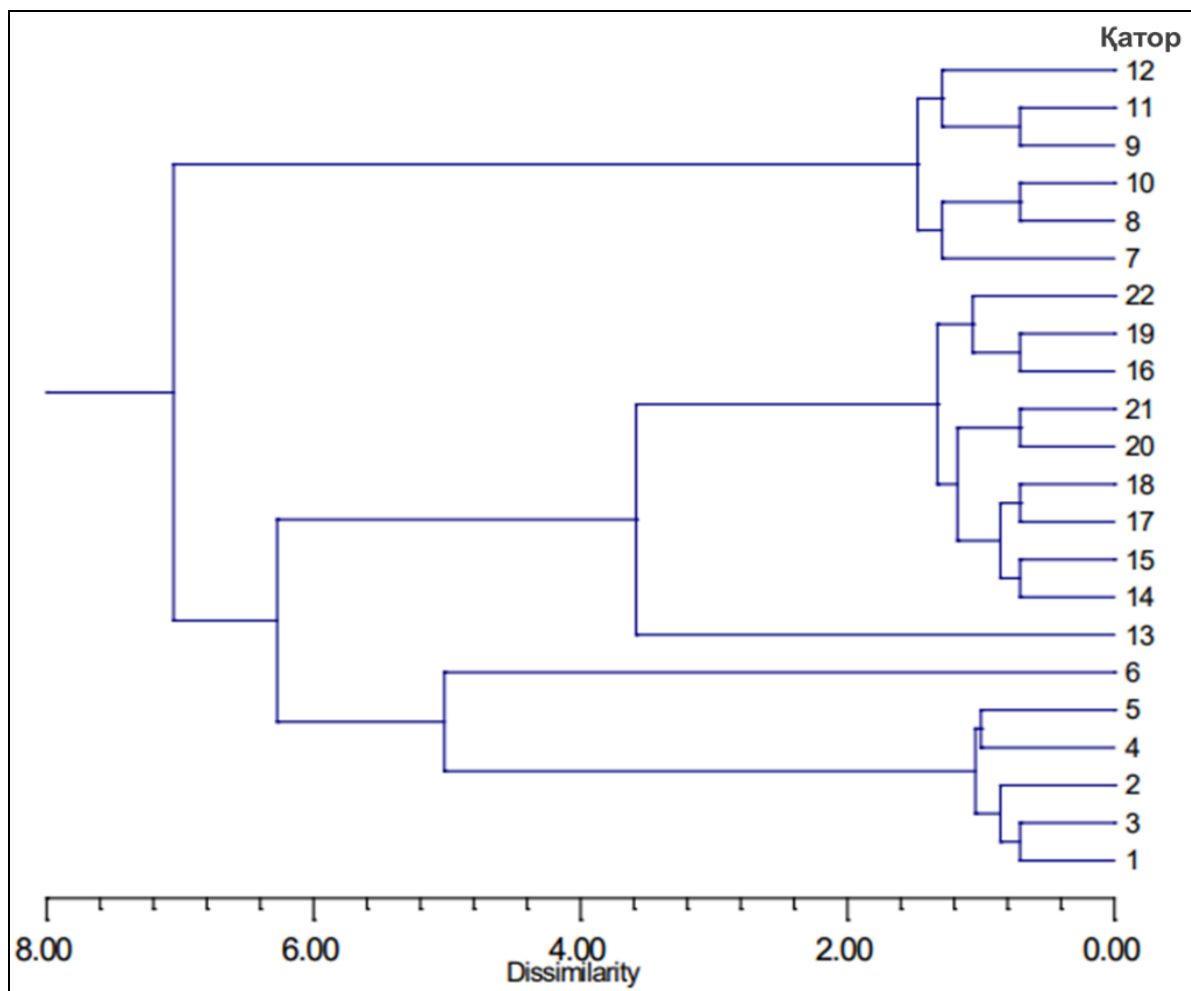
PZR asosida tadqiqot namunalarini genotiplash

Mikrosatellit markerlar yordamida o'simlik namunalarini genotiplash Reddy va boshqalar usuliga mos ravishda amalga oshirildi [10]. Tadqiqot namunalarining har bir SSR markerlar lokuslarining allel o'lchamlaridagi farq asosida belgilandi. Har bir individ uchun genotiplar quyidagicha belgilandi: *a* – ona genotip alleli bo'yicha gomozigota, *b* – ota genotip alleli bo'yicha gomozigota, *h* – allellarning holati bo'yicha geterozigota.

Filogenetik shajara tuzish

O'rganilgan populyasiya ota-onalarni namunalarining o'zaro genetik polimorfizmi ma'lumotlaridan foydalanib XLSTAT kompyuter dasturida ularning filogenetik shajarasi tuzildi.

Dendrogrammaning gorizontaal o'qi klasterlar orasidagi masofani yoki xilma-xillikni anglatadi. Vertikal o'qi ob'ekt va klasterlarni ifodalaydi (3.1-rasmga qarang). Dendrogrammani talqin qilish etarli darajada oson hisoblanadi. Grafikda ikki klasterning har bir qo'shilishi (birlashishi) gorizontaal chiziqning ikki gorizontaal chiziqqa bo'linishi bilan ko'rsatilgan. Bo'linmaning ikki klaster o'rtasidagi masofani (farqni) beruvchi gorizontaal pozitsiyasi qisqa vertikal chiziq bilan ko'rsatilgan.



3.1-rasm. Felogenetik shajaras dendrogrammasi

Miqdoriy belgilar lokuslarini (QTL) molekulyar-genetik kartalashtirishda birikish guruhleri kartasini tuzish

O'rganilayotgan populyasiya F_4 (Namangan-77xL-N1) duragay kombinatsiyasining yakuniy brikkanlik kartasini tuzishda SSR – markerlarining genotipik ma'lumotlari ishlatildi.

Genotiplash ma'lumotlari JoinMap 3.0 kartalashtirish dasturi yordamida qo'llanmaga mos ravishda qayta ishlandi. Barcha birikish guruhlarini aniqlash uchun LOD (LOD-score, logarithm of odds – ehtimoliy chegara logarifmi) qiymati 4,0 ga teng va maksimal masofa 50 sM ni tashkil etgan. Birikkanlikning molekulyar kartasini grafik ko'rinishi MapChart dasturida tuzildi.

QTL kartalashtirish

Fenotipik va genotipik ma'lumotlar o'rtasidagi genetik bog'likni aniqlash uchun oddiy regression tahlil usulidan foydalanildi. Segregatsiyalanuvchi

markerlarning xi-kvadrat (x^2) qiymati, shuningdek, har bir markerning regressioiv tahlillari QGene 3.06 [63; 239-245-b] komp'yuter dasturi yordamida amalga oshirildi. QTL lokuslarining birikish guruhlaridagi joylashuvi kompozit (murakkab yoki aralash) intervalli kartalashtirish (CIM-composite interval mapping) algoritmidan foydalanib aniqlandi. Kartalashtirishda Kosambi funksiyasidan foydalanildi. Identifikatsiya qilingan lokus va polimorfizm o'rtasidagi o'zaro munosabatlarning ishonchliligi LOD chegara qiymati asosida baholandi. Barcha belgilar bo'yicha alohida QTL tahlili amalga oshirildi. QTL ma'lumotlarini batafsil kartalashtirish va ishonchliligini ta'minlash uchun WinQTL cartographer dasturi ishlatilgan. Har bir QTLning nomi "q" bilan belgilanib, keyin belgi (xususiyat), xromosoma yoki birikish guruhining qisqartma nomi keltirildi. Belgilar bo'yicha identifikatsiya bo'lgan markerlar adabiyot ma'lumotlari asosida g'o'zaning to'liq birikish kartasida aniq xromosomalarga bog'langan.

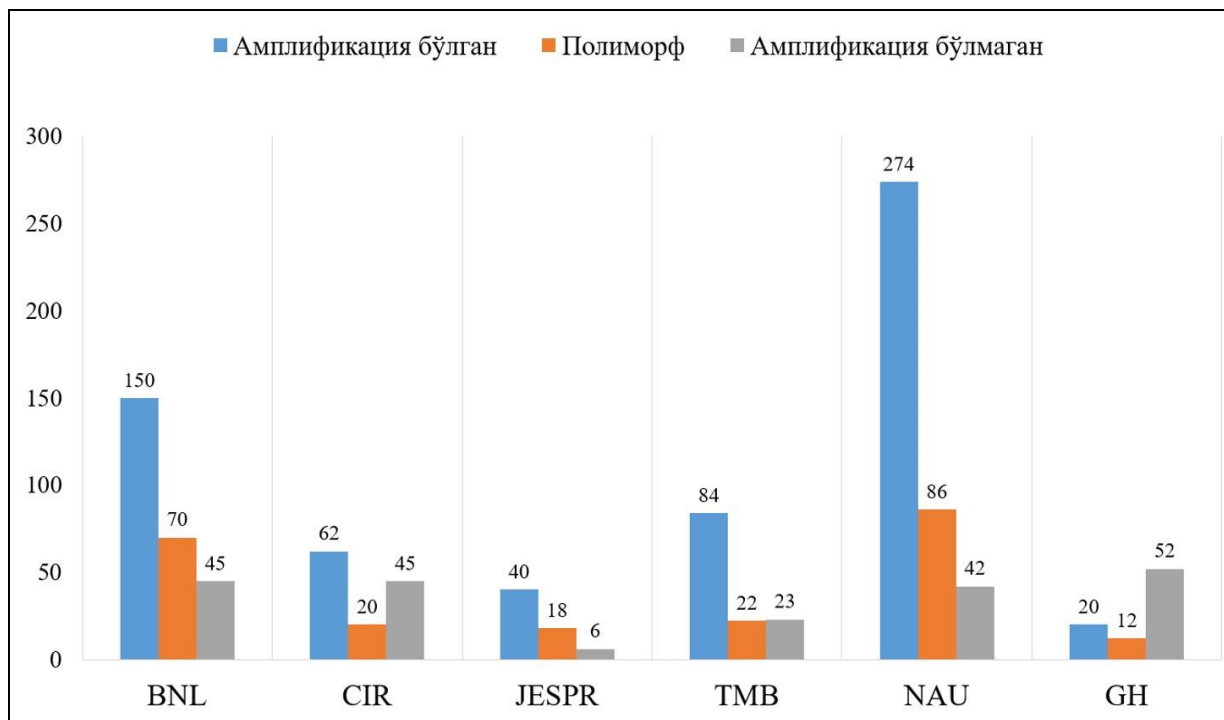
Ushbu keltirilgan ma'lumotlar xususan, foydalanilgan reaktivlar va asbob-uskunalar, molekulyar-genetik usullar va bioinformatik va statistik tahlillar dissertatsiya ishini samarali bajarishda va olingan natijalarning ishonchliligini tasdiqlashda xizmat qiladi.

Bundan tashqari, tadqiqotda foydalanilgan materiallar, kimyoviy reaktivlar, asbob-uskunalar, o'simlik materiallari, molekulyar genetik usullar o'simlik to'qimasidan genom DNK ajratish, Mikrosatellit markerlar kolleksiyasi haqidagi ma'lumotlar, polimeraza zanjir reaksiyasi, gel elektroforez usuli, PZR asosida tadqiqot namunalarini genotiplash, bioinformatik va statistik usullar: filogenetik shajara tuzish, birikish guruhlari kartasini tuzish, miqdoriy belgilar lokuslarini (QTL) molekulyar kartalashtirish, variatsiyalar tahlili kabi usullarning keng yoritilganligi ushbu yo'nalishda tadqiqot olib boruvchilar uchun metodik qo'llanma sifatida xizmat qiladi.

Mikrosatellit markerlar yordamida ota-ona namunalarining genetik polimorfizmini o'rganish

O'rganilayotgan populyasiyasini yaratishda umumiy onalik shakli sifatida foydalanilgan Namangan-77 navi hamda qolgan 19 ta g'o'za namunalari

oʻrtasidagi genetik polimorfizmlarni aniqlash maqsadida mavjud gʻoʻza mikrosatellit markerlar toʻplamidan 843 ta SSR praymerlari bilan PZR skrining qilindi. Tahlil natijalariga koʻra ota-ona genotiplari oʻrtasida 228 ta DNK-markeri polimorf (genotipik jihatdan xilma-xil) ekanligi kuzatildi (3.1-jadvalga qarang). Genotiplash uchun 195 ta BNL, 107 ta SIR, 46 ta JESPR, 107 ta TMV, 316 ta NAU va 72 ta GH praymer juftliklaridan foydalanildi (3.2-rasmga qarang, 3.1jadvalga qarang).



3.2-rasm. Oʻrganilayotgan populyasiya ota-ona namunalarini skrining qilishda foydalanilgan SSR markerlar.

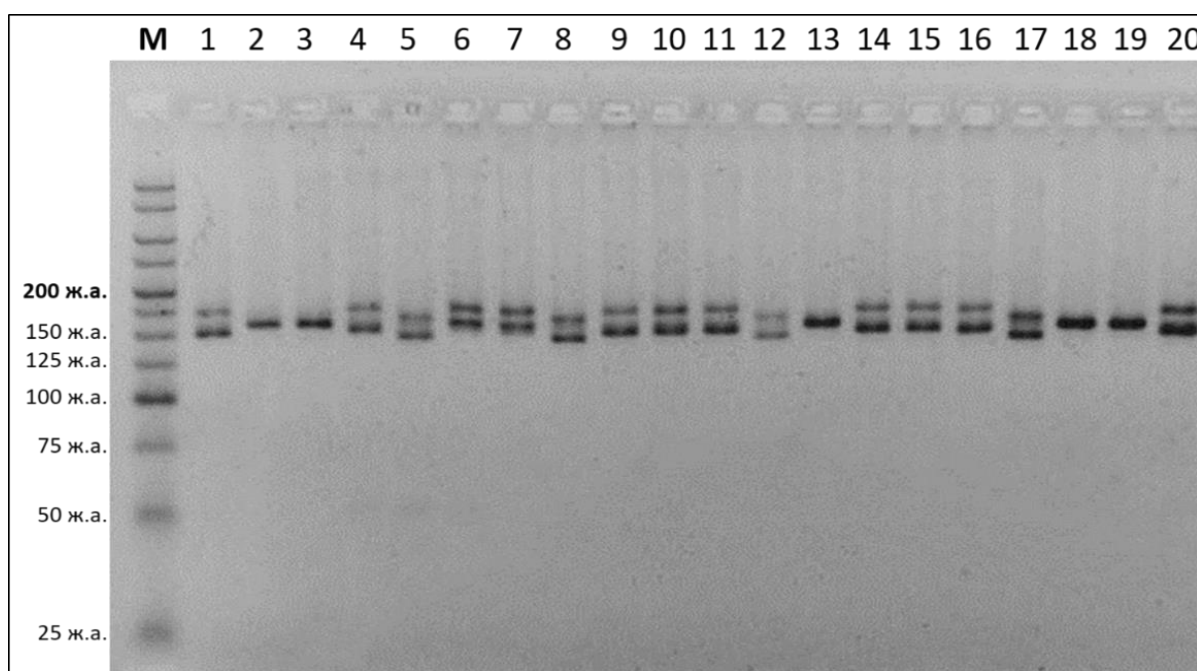
Ota-ona namunalarini genotiplash natijasida, foydalanilgan SSR praymer orasida GH SSR toʻplami eng yuqori polimorfizmni (60,0 %) koʻrsatdi. Foydalanilgan 195 ta BNL SSR markerlaridan 150 tasida amplifikatsiya boʻlgan, shundan 70 tasi (46,7 %) Namangan-77 va qolgan 19 ta namunalar oʻrtasida polimorfligi, 80 tasi (53,3 %) esa monomorf ekanligi shuningdek, 45 ta praymer amplifikatsiya bermaganligi aniqlandi. SHu bilan birga JESPR SSR toʻplamining amplifikatsiya boʻlgan markerlaridan 45,0 % polimorf va 55,0 % monomorfligi kuzatildi.

Foydalanilgan mikrosatellit markerlar toʻplami ichida TMB SSR toʻplami eng past polimorfizmni (26,2 %) namoyon etdi.

3.1-jadval

Ota-ona genotiplarini skrining qilishda foydalanilgan SSR markerlar

Markerlar	Amplifikatsiya	Amplifikatsiya	Polimorf	Umumiy
BNL	150	45	70	195
CIR	62	45	20	107
JESPR	40	6	18	46
TMB	84	23	22	107
NAU	274	42	86	316
GH	20	52	12	72
Umumiy	630 (74.7 %)	213 (25.3 %)	228 (36.2	843

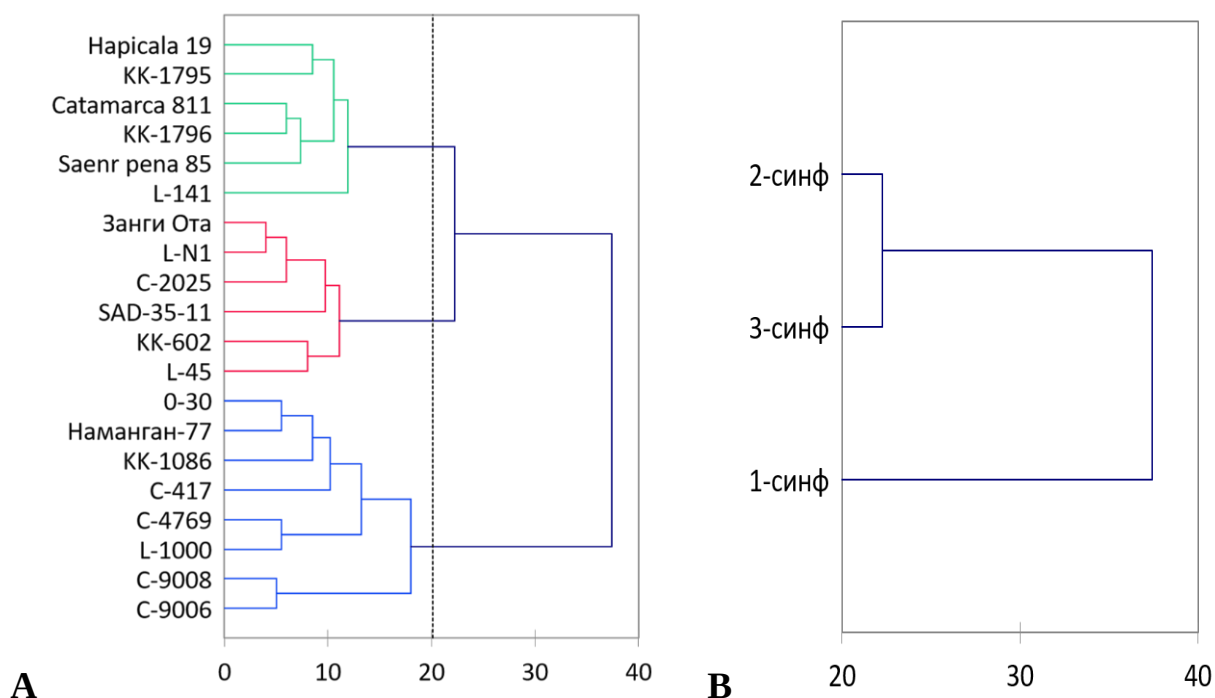


3.3-rasm. NAU2508 markeridan foydalanib ota-ona genotiplari o‘rtasida polimorfizmni namoyon etuvchi elektroforegrammaga misol.

M – Molekulyar og‘irlik markeri, **1**-Namangan-77, **2**-KK-1796, **3**-KK-1795, **4**-L-1000, **5**-C-9006, **6**-KK-1086, **7**-Catamarca 811, **8**-C-9008, **9**-L-N1, **10**-L-141, **11**-Hapicala 19, **12**-O-030, **13**-C-4769, **14**-L-45, **15**-Zangi-Ota, **16**-Saenr Pena 85, **17**-C-2025, **18**-KK-602, **19**-SAD-35-11, **20**-C-417.

O‘rganilayotgan populyasiya ota-ona namunalarining o‘zaro filogenetik munosabati

O‘rganilayotgan populyasiya ota-ona namunalarining o‘zaro genetik polimorfizmi ma’lumotlaridan foydalanib XLSTAT komyuter dasturida ularning filogenetik shajarasi tuzildi (3.4-A rasmga qarang).



3.4-rasm. O'rganilayotgan populyasiyasi ota-ona genotiplarining filogenetik daraxti. A-har xillik dendrogrammasi (ingl. Dissimilarity); B-sinflarga tasniflanishi

Ierarxik klasterlash usulida tahlil qilinganda o'rganilayotgan populyasiyasi ota-ona genotiplari filogenetik jihatdan uchta sinfga ajraldi. Ularning har biri orasidagi o'zaro filogenetik masofasi aniqlandi (3.1-rasmga qarang, 3.1-jadvalga qarang). Bu esa o'z navbatida o'rganilayotgan populyasiyasi uchun umumiy ona genotip bo'lgan Namangan-77 navining qolgan 19 ta g'o'za namunalari bilan genetik jihatdan o'zaro yaqin yoki uzoqligini ko'rsatib berdi. SHuningdek, ushbu dendrogrammadagi ma'lumotlar Namangan-77 navi bilan eng uzoq filogenetik munosabatda bo'lgan genotiplar asosida olingan populyasiyalarda genetik xilma-xilliklarning yuqori ekanligini tasdiqlaydi. Natijada populyasiyada mavjud keng genetik xilma-xilliklar kelgusi tadqiqotlarda amalga oshiriladigan uyali assotsiativ kartalashtirish potensialini yanada oshiradi.

3.2-jadval

O'rganilayotgan populyasiyasi ota-ona shakllarining o'zaro filogenetik masofasi

[illegible]

Mazkur bobda o'rganilayotgan populyasiyasini yaratishda foydalanilgan ota-onalarni tanlash, ularni fenotipik va genotipik jihatdan chuqur o'rganilganligi, tola sifat ko'rsatkichlarining statistik tahlili kelgusida ushbu namunalar haqida to'liqroq ma'lumotlarga ega bo'lgan xolda tadqiqot olib borish imkonini beradi. SHuningdek, UAK populyasiyasining yaratilishi va fenotipik jihatdan o'rganilishi kelgusi tadqiqotlarda g'o'zaning qimmatli xo'jalik belgilari lokuslarini aniqlash uchun uyali assotsiativ kartalashtirishni muvaffaqiyatli amalga oshirishni ta'minlaydi.

YUqorida ta'kidlab o'tilgan tahlillar natijalari o'rganilayotgan populyasiyasining fenotipik hamda genetik jihatdan keng segregatsiyaga ega ekanligini ko'rsatdi. Bu esa, o'z navbatida genetik kartalashtirishda aniqlanadigan QTL lokuslari ishonchliligining ortishiga xizmat qiladi.

XULOSA

Mazkur bitiruv malakaviy ishida g'o'zada turlararo duragaylash orqali flogenetik qarindoshligini aniqlashni molekulay markerlari yordamida tadqiq qilib, flogenetik qarindoshligini aniqlashga aloqador bo'lgan QTL lokuslarni o'rganish. Ushbu tadqiqot natijasida quyidagi xulosalarga kelindi.

1.Jaxon paxta sanoatining jadal rivojlanishi va shu sababli yildan yilga paxta tolasiga dunyoda talabning ortib borayotganligi, jumladan respublikamizda yetishtirilayotgan paxta tolasiga xaridorlarning to'g'ridan to'g'ri sotib olish imkoniyatiga ega bo'lishlari va respublikamizda paxtani qayta ishlovchi sanoat korxonalarini rivojlanishi paxtadan olinadigan xosilni yanada yuqori bo'lishini talab etadi. Avvallari paxta tolasini yetishtirish miqdorini oshirish yangi yerlarni o'zlashtirib paxta ekini maydonini kengaytirish xisobiga amalga oshirilgan bo'lsa, xozirda bunday imkoniyatlarimiz chegaralangan, faqatgina xar geklardan olinadigan paxta xosilini ko'paytirish evazigagina talab qilinayotgan paxta tolasiga bo'lgan extiyojni qondirishimiz mumkin. Buning uchun g'o'za selektsiyasi bilan ishlovchi olimlarimizdan yangi g'o'za navlarini yaratishda paxta tolasining sifat ko'rsatkichlarini yo'qotmagan xolda, g'o'za o'simligini xosil berish ichki imkoniyatlarini oshirish talab etiladi.

2. Bu mavzuning yoritilishidan zamonaviy MAS dasturi bo'yicha bu ishni amalga oshirish ham iqtisodiy, ham kam vaqt talab qilishi jihatidan boshqa usullardan samaraliroqdir.

3.Ota-ona namunalarini genotiplash natijasida, foydalanilgan SSR praymer orasida GH SSR to'plami eng yuqori polimorfizmni (60,0 %) ko'rsatdi. Foydalanilgan 195 ta BNL SSR markerlaridan 150 tasida amplifikatsiya bo'lgan, shundan 70 tasi (46,7 %) Namangan-77 va qolgan 19 ta namunalar o'rtasida polimorfligi, 80 tasi (53,3 %) esa monomorf ekanligi shuningdek, 45 ta praymer amplifikatsiya bermaganligi aniqlandi. SHu bilan birga JESPR SSR to'plamining amplifikatsiya bo'lgan markerlaridan 45,0 % polimorf va 55,0 % monomorfligi kuzatildi.

4. Markerlarga asoslangan seleksiya usulini qo'llash bilan o'simliklar genomidagi irsiy axborotlarda qanday belgi va xususiyatlar mavjudligini o'rganish, ularni turli lokuslarini aniqlash mumkin. Ushbu seleksiyaning afzalligi o'simlik hujayra yadrosini ajratib olib DNK tahlili asosida irsiy axborotini o'rganish bilan qisqa muddat ichida unda qanday belgi xususiyatlar mavjudligini aniqlash mumkin.

5. Yangi DNK markerlarini o'z ichiga olgan qo'shimcha polimorfizmlarni aniqlash bilan o'rganilayotgan genotiplarning DNK bankini tahlil qilish imkonini beradi.

FOYDALANILGAN ADABIYOTLAR RO'YXATI.

1. Абдуллаев А.А., Омельченко М.В. Формообразование хлопчатника. Ташкент: ФАН, 1966. – 142 с.
2. Абдуллаев А.А. Эволюция и систематика полиплоидных видов хлопчатника. Ташкент; 1974. 57с
3. Abdurahmonov I.Yu. Markerlarga asoslangan seleksiya texnologiyasi //Fan va turmush: Toshkent, 2010 yil –B.12-13
4. Абдурахмонов И.Ю. Молекулярное клонирование новых ДНК-маркеров для маркер ассоциированной селекции хлопчатника: Дис....канд. биол.наук.-Ташкент: ИГи ЭБР АН РУз, 2002. – 108 с.
5. Абдурахмонов И.Ю., Буриев З.Т., Абдуллаев А.А., Шерматов Ш.Э., Кушанов Ф.Н., Ризаева С.М., Абдуллаев А., Абдукаримов А.А. Молекулярное филогенетическое разнообразие узбекской коллекции гермплазмы хлопчатника // Узб. Биол. Журн. – Ташкент, 2006. – № 5. – С. 75-79.
6. Абдурахмонов И.Ю., Буриев З.Т., Абдукаримов А.А. Молекулярное клонирование и хар актеристика генов фитохрома А хлопчатника // Узб. Биол. Журн. – Ташкент, 2006. – № 6. – С. 46-50.
7. Абдурахмонов И.Ю., Буриев З.Т., Абдуллаев А.А., Шерматов Ш.Э., Кушанов Ф.Н., Абдукаримов А. Картирование хозяйственно-ценных генов хлопчатника с помощью неравновесного сцепления (LinkageDisequilibrium). // Узбекский биологический журнал, 2007.- № 5.- С. 70-74
8. Абдурахмонов И.Ю., Буриев З.Т., Алматов А., Мусаев Д.А., Абдуллаев А. А., Мавлонов Г.Т., Абдукаримов А. QTL-Картирование генов выхода волокна с помощью ДНК – маркеров // Узбекский Биологический Журнал. 2003.-N5-6. С80-85.
9. Буриев З. Т Молекулярное картирование локусов, ассоциированных с инициацией и развитием хлопкового волокна Госсипиум ирсутум Л., с помощью микросаттелитов: Дис....канд. биол. наук.- Ташкент: ИГи ЭБР АН РУз, 2005. – 122с.
10. Дармонов М.М., Юсупов З., Комилов Д.Ж., Махкамов А.Х., Кушанов Ф.Н., Буриев З.Т., Абдурахмонов И.Ю. Маркерларга асосланган селекция усулидан фойдаланиб ғўзада тола сифатини яхшилаш. Toshkent,2011й.-4b
11. Дармонов М.М., Махкамов А.Х., Кушанов .Ф.Н., Шерматов Ш.Е., БуриевЗ.Т., Абдурамонов И.Ю.// Ғўзада тола пишилиқ даражасини

- маркерларга асосланган селекция (мас) технологияси асосида ошириш // Илм-фан тарафлари ва итисодиётни инновацион ривожлантириш 2012й. 169.
12. Джаникулов Ф. Связь между радиочувствительностью и мутабельностью диких и культурно-тропических форм хлопчатника // Доклады Российской академии сельскохозяйственных наук. – Москва; 2002. – № 2. – С. 19-22.
13. Махкамов А.Х., Кушанов Ф.Н., Буриев З.Т., Абдурахмонов И.Ю. Толанинг сифа белгиларини маркерларга асосланган селекция ёрдамида пирамидалаш Toshkent, 2011й.-12б
14. Махкамов А.Х., Кушанов Ф.Н., Норов Т.М., Усмонов Д.Е., Буриев З.Т., Абдурамонов И.Ю. Ёўзада толанинг микронейр ва пишиқлиги белгиларини маркерларга асосланган селекция ёрдамида пирамидалаш орали яхшилаш // Илм-фан тараққиёти ва итисодиётни инновацион ривожлантириш Toshkent, 2012. 171.6
15. Комилов Д.Ж., Усмонов Д.Е., Дармонов М., Махкамов А.Х., Кушанов Ф.Н., Буриев З.Т., Абдурамонов И.Ю. Ёўзада тола пишиқлиги белгисининг ДНК маркерларига асосланган селекцияси Toshkent, 2011й.-В.3-4
16. Abdurakhmonov I.Y. Molecular cloning and characterization of genomic sequence tags (GSTS) from the PHYA, PHYB and HY5 gene families of cotton (*Gossypium* species) // Thesis. Texas A&M University, USA, College Station. 2001.-p.10-13
17. Abdurakhmonov I.Y., Abdullaev A., Saha S., Buriev Z.T., Arslanov D., Kuryazov Z., Mavlonov G.T., Rizaeva S.M., Reddy U.K., Jenkins J.N., Abdullaev A., Abdukarimov A. SSR marker associated with a natural leaf defoliation trait in tetraploid cotton // J. Hered. – Oxford, 2005. – No 96. – pp. 644-653.
18. Abdurakhmonov I. Y. Exploiting genetic diversity // The Proceeding of 4th World Research Conference. Lubbock, Texas – USA, September 6-10, 2007.16p
19. Abdurakhmonov I.Y., Kushanov F.N., Djanikulov F., Buriev Z.T., Pepper A.E., Fayzieva N., Mavlonov G.T., Saha S., Jenkins J.N., Abdukarimov A. The role of induced mutation in conversion of photoperiod dependence in cotton // J. Hered. – Oxford, 2007a. – No 98 (3) – pp. 258-266.
20. Abdurakhmonov Y.A., Sukumar S., Jonnie N. J., Buriev Z.T., Shuhrat S. E., Brain E.S., Alan E.P., Jonh Z.Y., Russell J.K., Abdukarimov A. Linkage disequilibrium based association mapping of fiber quality traits in *G. hirsutum* L. variety germplasm.// Genetica, 2008. DOI: 10.1007/s10709-008-9337-8.
21. Benedict CR, Kohel RJ, Lewis HL (1999) Cotton fiber quality. In: Smith WC (ed) Cotton: origin, history, technology, and production. John Wiley and Sons, Inc, pp 269–288.