

UO'K: 575.113: 577.21

**DNK MARKERLARDAN FOYDALANGAN XOLDA AYRIM G'O'ZA
NAVLARNING GENETIK PASPORTINI YARATISH TEXNOLOGIYASI**

Amanboyeva Roza Sirojiddinovna,

o'qituvchi, Guliston davlat universiteti, Guliston.

Isroilova Omina Abdug'ani qizi

talaba, Guliston davlat universiteti, Guliston.

kadirova-roza@mail.ru +998933976025

Annotatsiya. Ushbu tadqiqotda Respublika hududida ekilayotgan g'o'za navlarining genetik xilma-xilligi SSR-markerlar yordamida baholandi. Diploid va tetraploid turlarga mansub navlarning genom DNKlari CTAB usuli bilan ajratilib, PZR-tahlillari o'tkazildi. BNL, GH, NAU va boshqa SSR-markerlar orqali 60 ta polimorf va 42 ta monomorf marker aniqlandi. Jami 225 ta allel genotiplash orqali baholanib, natijalar g'o'za seleksiyasida muhim ahamiyatga ega ekani tasdiqlandi.

Kalit so'zlar: G'o'za, DNK, Mikrosatellit, Forvard, revers, SSR marcer.

Аннотация. В данной статье представлены результаты анализа экспериментов, проведенных с использованием SSR-маркеров на сортах хлопчатника, широко выращиваемых на территории нашей Республики. Геномная ДНК диплоидных и тетраплоидных форм выделена методом CTAB, проведён ПЦР-анализ. С применением маркеров BNL, GH, NAU и других выявлено 60 полиморфных и 42 мономорфных маркера. Всего проанализировано 225 аллелей, результаты подтверждают значимость использования молекулярных маркеров в селекции хлопчатника.

Ключевые слова: Хлопчатник, DNK, Mikrosatellit, Forvard, revers, SSR marcer.

Abstract: This article presents the results of experiments conducted using SSR markers on cotton varieties widely cultivated in our Republic. Genomic DNA from diploid and tetraploid forms was extracted using the CTAB method, followed

by PCR analysis. A total of 60 polymorphic and 42 monomorphic markers were identified using BNL, GH, NAU, and other markers. In total, 225 alleles were analyzed, confirming the significance of molecular markers in cotton breeding.

Keywords: Cotton, DNA, Microsatellite, Forward, reverse, SSR marker.

Kirish. Madaniy o'simliklarni molekulyar yondashuv orqali o'rganish nafaqat tur va navlarning kelib chiqishi yoki morfobiologik xususiyatlarini yaxshiroq tushunishga yordam beradi, balki genetik xilma xillikni aniqlashda ham muhim ahamiyatga ega. Bunday yondashuvning bir nechta asosiy afzalliklari bor. Tez va aniq identifikatsiya qilishda molekulyar markerlar o'simliklar genomidagi ma'lum gen xududlarni aniqlaydi, bu esa an'anaviy fenotipik identifikatsiyadan tezroq va ishonchliroq amalga oshadi.

Adabiyotlar: DNK markerlari nafaqat biologiya va genetika sohasida tadqiqotlar uchun, balki qishloq xo'jaligida samarali selektsiya ishlarini olib borishda va yaxshilashda ham muhim vosita sifatida foydalanilmoqda.

Molekulyar markerlar tizimlari orasida SSR, markerlarining afzalliklari boshqa turdagi markerlarga nisbatan ancha yuqori, chunki ular ishonchli, tezkor, samarali va kata diskriminativ qobiliyatga ega [3].

Mikrosatellitlar yoki oddiy takrorlanuvchi ketma ketliklar (SSR), kodominant va ko'p allelli polimorfizmlarning yuqori o'zgaruvchanligi va aniq va tezkor aniqlashning afzalliklari tufayli genetik identifikatsiya, qarindoshlik tahlili va populyatsiya genetikasida keng qo'llaniladi [1].

SSR lar takrorlanuvchi juftliklar soniga ko'ra mono-, di-, uch-, tetra-, penta- yoki gexa-SSR larga bo'linadi, shuningdek takrorlanishlarni, ikki yoki undan ortiq tandem motivlarini ko'rsatadigan mukammal, nomukammal va murakkab SSR larga bo'linadi [2].

Mikrosatellitlarning yuqori stabiligi va o'zgaruvchanligi ularni populyatsion tadqiqotlardan tortib, turlarning identifikatsiyasigacha bo'lgan ko'plab sohalarda samarali qo'llashga imkon beradi [4].

Ushbu tadqiqotda ham navlarining genetik jihatdan tadqiq qilishda aynan ushbu SSR-markerlarga murojaat qilindi.

Tadqiqot metodologiyasi: Tadqiqotni amalga oshirish maqsadida yuqori iqtisodiy samaradorlikka ega bo'lgan, Respublikamiz hududida keng ekib kelinayotgan g'o'za navlari va nazorat namunalari ayrim diploid va tetraploid turlarga mansub yovvoyi shakllardan foydalanildi.

Genom DNKsini ajratish. Tadqiqot namunalarining molekulyar tahlili uchun sifatli DNK olish maqsadida samarali va ommaviy bo'lgan CTAB usulida genom DNKlari ajratildi.

Tadqiqot uchun tanlangan namunalar o'rtasidagi genetik polimorfizmni aniqlash maqsadida SSR-markerlar to'plamidan foydalanilgan xolda PZR-tahlillari amalga oshirildi. Buning uchun BNL, GH, NAU, TMB, JESPR, CGR, CM, MUSS, DPL, kabi praymer juftlari tanlab olindi. Marker juftlik ko'rsatkichini aniqlashda Gel –elektroforez va Gel alanayser kabi usullardan foydalanildi.

Tahlil va natijalar: Ushbu markerlarning polimorfizm va monomorf bo'lgan markerlar soni hamda barcha to'plamdagi markerlarga tegishli allellar soni aniqlandi (1-jadval).

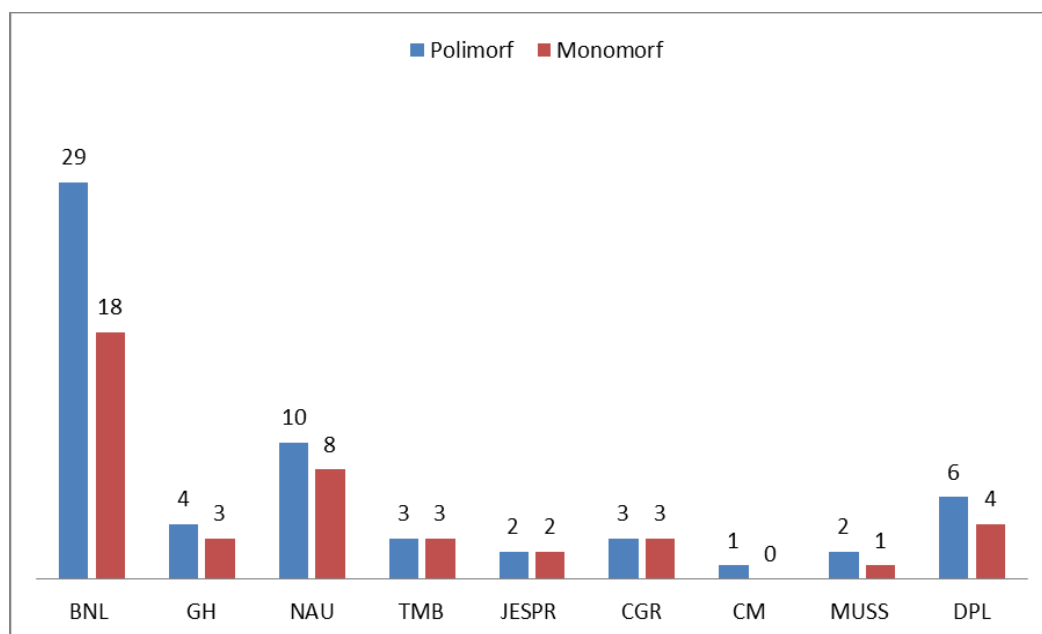
1-jadval

Tadqiqot uchun tanlangan markerlar to'plami va ular yordamida amplifikatsiyalangan allellar miqdori

SSR- markerlar to'plamlarining nomi	Polimorf markerlar soni	Monomorf markerlar soni	To'plam bo'yicha allellar soni
BNL	29	18	110
GH	4	3	13
NAU	10	8	36
TMB	3	3	7
JESPR	2	2	7
CGR	3	3	11
CM	1	-	5
MUSS	2	1	4
DPL	6	4	19

SSR- markerlar to'plamlarining nomi	Polimorf markerlar soni	Monomorf markerlar soni	To'plam bo'yicha allellar soni
Jami	60	42	225

Tahlil natijalariga ko'ra genotiplar o'rtasida 60 ta DNK-markeri polimorf (genotipik jihatdan xilma-xil) ekanligi kuzatildi. Genotiplash uchun 47 ta BNL, 7 ta GH, 18 ta NAU, 6 ta TMV, 4 ta JESPR, 6 ta CGR, 1 ta CM, 3 ta MUSS, va 10 DPL praymer juftliklaridan foydalanildi.



1-rasm. Namunalarini skrining qilishda foydalanilgan SSR markerlar.

BNL markerlari 110 ta, GH markerlari 13 ta, NAU markerlari 36 ta, TMB markerlari 7 ta, JESPR markerlari 7 ta, CGR markerlari 11 ta, CM markerlari 5 ta, MUSS markerlari 4 ta, DPL markerlari 19 ta, jami 225 ta allelni namoyon etdi.

Genotiplash natijalariga ko'ra, amplifikatsiya bo'lgan jami 60 ta polimorf markerlar to'plami bo'yicha allellar soni 225 tani tashkil qildi "1-jadval". Ushbu genotipik ma'lumotlar asosida mahalliy g'o'za navlarining genetik xilma-xilligi va polimorfizm darajalari o'rganildi.

Xulosalar: Tadqiqot natijalari shuni ko'rsatdiki, SSR-markerlar g'o'za navlarining genetik xilma-xilligini aniqlash uchun samarali molekulyar vositadir. Olingan genotiplash ma'lumotlari asosida 60 ta polimorf marker aniqlandi, bu esa g'o'za navlari o'rtasidagi genetik farqlanishlarni baholash imkonini berdi. Amplifikatsiya natijasida jami 225 ta allel aniqlanib, polimorfizm darajasi baholandi. Ushbu tadqiqot seleksiya ishlarini olib borishda, genetik xaritalashda va g'o'za navlarini yaxshilashda asosiy molekulyar yondashuvlardan biri sifatida foydalanish mumkinligini tasdiqlaydi.

Foydalanilgan adabiyotlar:

1. Ali Ahmad va boshq. Development and Use of Simple Sequence Repeats (SSRs) Markers for Sugarcane Breeding and Genetic Studies. *Agronomy* 2018, 8(11), 260;
2. Selkoe, K.A.; Toonen, R.J. Microsatellites for ecologists: A practical guide to using and evaluating microsatellite markers. *Ecol. Lett.* 2006, 9, 615–629.
3. Amanboeva Roza Srajidinovna. «MOLECULAR CHARACTERIZATION AND GENETIC DIVERSITY OF COTTON (GOSSYPIMUM HIRSUTUM L.) USING SIMPLE SEQUENCE REPEAT (SSR) MARKERS». *NamDU ilmiy axborotnomasi*–2022-yil 12-son, 94-100.
4. Edward S. "The Genetic Architecture of Maize Flowering Time". *Science*, 2009, 325 (5941): 714–718.doi:10.1126/science.1174276. PMID 19661422.