

2-TOM, 4-SON

GENETIK MARKERLARNING HAYVONLAR SELEKSIYASIDA
QO'LLANILISHINING AHAMIYATI

Nosirova Maftuna Begomonovna

X.Sulaymonova nomidagi Respublika sud ekspertiza markazi "Odam DNKsi sud-biologik ekspertizasi" laboratoriyasi eksperti

Yakubov Iskandar Taxirovich

Biologiya fanlari nomzodi, dotsent M.Ulug'bek nomidagi O'zbekiston Milliy universiteti

Annotatsiya: Maqolada tadqiqotchilarning hayvonlarning mahsuldorlik ko'rsatkichlari, xususan, genetik markerlarning hayvonlarning ichki va tashqi xususiyatlariga ta'sirini o'rganishga bo'lgan urinishlari tahlil qilinadi. Genetik lokuslarning hayvonlarda miqdoriy belgilarning shakllanishiga ta'siri ta'kidlanadi. DNK ketma-ketligining o'zgarishi kelgusida organizmdagi barcha o'zgarishlarning birlamchi sababi ekanligiga alohida urg'u berilgan. Genom seleksiyasi sohasida olib borilgan ishlarning hayvonlar mahsuldorligini erta bashorat qilishdagi ahamiyatining muhimligi asoslantirilgan.

Kalit so'zlar: genetik markerlar, lokuslar, gen, DNK, genom seleksiyasi.

Seleksiyaning rivojlanishi doim hayvonlarning odatda ibtidoiy darajadagi, fenotipik xususiyatlari singari turli xil mahsuldorlik ko'rsatkichlarini takomillashtirish yo'lidagi urinishlar bilan bog'liq bo'lib kelgan. Sezilarli ko'rsatkichlarga ega bo'lgan hayvonlarning avlodlari u kabi yuqori ko'rsatkichlarga ega bo'ladi deb hisoblangan.

Boshqa tomondan, turli davrlarda va chorvachilikning turli sohalarida "ideal" hayvonning ustuvor xususiyatlari tubdan, ba'zan diametrik ravishda farq qilar edi, bu esa tadqiqotchilarning urinishlari kamayishiga sabab bo'lar edi. Taxminan ikki asr avval, hayvonlarning insonning iqtisodiy faoliyatini amalga oshirishida muhim bo'lgan ko'plab asosiy va samarali ko'rsatkichlari barqaror shakllandi: yilqichilikda chaqqonlik va chidamlilik, chorvachilikda sersutlik va vazn oshirish, cho'chqachilikda go'sht miqdori, qo'ychilikda jun miqdori va sifati, echkilarda sersutlik, parrandachilikda sertuxumlilik va hokazo. Aynan shu xususiyatlarni rivojlantirish va takomillashtirish asosan olimlarning tadqiqotlari va amaliyotchilarning sa'y-harakatlariga qaratilgan edi. Keyinchalik umumiy biologiyaga oid bilimlarning ortishi va genetikaning jadal rivojlanishi natijasida hayvonlarning ma'lum fenotipik va mahsuldorlik xususiyatlarini tavsiflovchi ichki ko'rsatkichlarni aniqlashga qaratilgan tadqiqotlar tobora ommalashib bordi. Xususan, 1923-



2-TOM, 4-SON

yilda “Genetics” jurnalida muallif tomonidan loviya urug‘ining yirikligi (miqdoriy belgi) va urug‘ po‘stining pigmentatsiyasi (sifat belgisi) umumlashtirilgan ma’lumotlar bayon etilgan maqola chop etildi. Shunday qilib, miqdoriy (tashqi) xususiyatga ta’sir etuvchi genetik (ichki) omillarni marker belgilar yordamida qanday aniqlash mumkinligi ilk bor namoyon etildi. 1926-yilda akademik A.S. Serebrovskiy va E.T. Vasina-Popovalar tovuqning jinsiy xromosomasida genlarning joylashishini tasvirlab berdilar. Shu bilan birga, A.S. Serebrovskiy tuxum yetishtirishni belgilovchi genni izlash uchun foydalaniladigan “signal geni” usulini taklif etdi.

So‘nggi o‘n yillikda oxirgi qismi mavjud bo‘lmaganligi tufayli rivojlana olmagan miqdoriy belgilar lokuslari bilan bog‘langan markerlar yordamida aniqlash nazariyasi joriy etildi. O‘tgan asrning 60-yillarida qon guruhlari va oqsil polimorfizmini ommaviy o‘rganish hayvonlarni ko‘paytirishda genetik markerlardan foydalanishga umid uyg‘otdi. Miqdoriy va foydali o‘zaro bog‘liq bo‘lgan xususiyatlarni aniqlashga qaratilgan ko‘plab tadqiqotlar qarama-qarshi natijalar bergan. Ba’zi mualliflar aniqlagan mahsuldorlik markerlarini, boshqalar ayni shu lokuslarda bog‘liklarni aniqlashni uddasidan chiqa olmadilar. Bog‘liqlik odatda yo‘nalish sifatida, kamdan-kam hollarda esa statistik jihatdan muhim farq sifatida talqin qilingan. Natijada, immunogenetik tadqiqotlar iqtisodiy foydali xususiyatlar o‘rtasidagi bog‘liqlikning tabiati va yaqinligi to‘g‘risida aniq javob bera olmadi. Bundan tashqari, agar o‘zaro bog‘liqlik ahamiyatga ega bo‘lganida ham, ular universal bo‘lmasligi aniqlandi.

O‘tgan asrning 90-yillariga qadar genetika oldiga qo‘yilgan vazifalarga yechim topish uchun irsiy polimorfik oqsil tizimlari va monogen morfologik belgilardan foydalanilib, genetik markerlar miqdori yetarli emas edi. 1980-yillarning o‘rtalarida polimeraza zanjiri reaksiyasi (PCR) texnologiyasi ishlab chiqilganidan so‘ng, DNK polimorfizmiga asoslangan genetik markerlarning yangi sinfini kashf etish imkoni tug‘ildi. DNKni tahlil qilish usullarining jadal rivojlanishi DNK markerlarining ko‘payishiga olib keldi. DNKni tahlil qilish usullarining yanada takomillashishi, statistik tahlillar, kompyuter texnikasi va dasturiy ta’minotning yaratilishi miqdoriy belgilar uchun mas’ul bo‘lgan lokuslarning xromosomalarida joylashishini aniqlashni osonlashtirdi (Quantitative Trait Loci, QTL) va markerli tanlash usulini (Marker Assisted Selection, MAS) ishlab chiqishga imkon berdi.

Bugungi kunda jahon amaliyotida SNP (single nucleotide polymorphism) – bir nukleotidli polimorfizm (NP) yoki yagona nukleotid sayti polimorfizmi yordamida faol tanlash amalga oshiriladi. SNP ko‘pincha DNK ketma-ketligining yagona nukleotid saytining ikki allelik tizimi taqdim etiladi.



2-TOM, 4-SON

To'rt nukleotid ketma-ketligining xususiyatlari alohida hayvonlar, populyatsiyalar va zotlar o'rtasidagi farqlarni aks ettiradi. Bular genetik markerlar bo'lib, ularning ba'zilari hayvonlarning miqdoriy va sifat belgilari bilan bog'liq bo'lishi mumkin. SNPlar genom bo'ylab taqsimlanadi va bunday markerlar bo'yicha "genom seleksiyasi" (GS) deb nomlandi. Butun genom bo'ylab tarqalgan sersut qoramol zotlarining DNK nukleotidlari ketma-ketligini aniqlash texnologiyasi (sekvens)ni ishlab chiqish yuz minglab yagona nukleotid markerlari polimorfizm bog'lanishini tahlil qilish imkoniyatini berdi.

Genotiplash jarayoni biologik materialni (qon, maniy, to'qima, soch ildizi) olish, DNKni ajratib olish, SNP ro'yxatga olish bilan genom sekvensi, ushbu hayvonning individual polimorfizmlarning fenotipning genetik xususiyatlari bilan bog'lanish xaritalari bilan kompyuter qiyosiy tahlilini o'z ichiga oladi. Natijada, hayvonning genetik qiymati erta yoshda aniqlanadi va uning kelajak avlodlari uchun qiymat prognozi ishlab chiqiladi. Mamlakatimizda bunday tadqiqotlar tashkillanish bosqichida hisoblanadi.

Qiyosiy molekulyar-genetik tadqiqotlarda qoramollar zotlarining DNK namunalaridan foydalaniladi. Genotiplash COrDIS Cattle to'plami yordamida 15 ta mikrosatellit lokuslari bo'yicha amalga oshiriladi. COrDIS Cattle-mikrosatellit lokuslari deb ham ataladigan qisqa tandem takrorlanishlarini (STR) o'z ichiga olgan 15 ta lokusning multipleks PCR tahlili asosida hayvonlarning qarindoshligi va DNK individualizatsiyasini tahlil qilish uchun qoramollarning molekulyar-genetik xususiyatlari uchun mo'ljallangan reagentlar to'plami sanaladi. Tahlil qilingan 15 ta STR lokuslaridan 12 tasi xalqaro hayvonlar genetikasi jamiyati (International Society of Animal Genetics-ISAG) tomonidan tavsiya etilgan standart marker panelini tashkil etadi: ETH3, INRA023, TGLA227, TGLA126, TGLA122, SPS115, ETH225, TGLA53, BM2113, BM1824, ETH10, BM1818. Bundan tashqari, to'plam uchta qo'shimcha yuqori polimorfik mikrosatellit lokuslarini o'z ichiga oladi: CSSM66, ILSTS006 va CSRM60. Ushbu to'plam yuqori ma'lumotlilik, avtomatlashtirilgan va bitta reaksiyada ko'plab lokuslarni o'rganish qobiliyati tufayli nisbatan past mehnat zichligiga egaligi, ilovalarning keng doirasining mavjudligi, xorijiy sinov tizimlariga nisbatan arzonroqligi va hayvonlarning jinsidan qat'iy nazar, erta yoshda tashxis qo'yish shuningdek uzoq vaqt past haroratlarda saqlashdan keyin namunalarni tekshirish imkoniyatining mavjudligi, yuqori o'ziga xoslik hamda natijalarni elektron shaklda hujjatlashtirish qobiliyati, tasdiqlash aniqligi va ota-onalarni istisno qilish kabi afzalliklarga ega.

Yuqoridagilarni inobatga olgan holda o'tkaziladigan tadqiqotlar natijalari genetik ekspertizalarni o'tkazishda foydalanish, shuningdek, qishloq xo'jaligi ob'yektlari sanalgan - hayvonlar populyatsiyalarining allelofond holati va dinamikasini o'rganishga qaratilgan



2-TOM, 4-SON

fundamental va amaliy tadqiqotlarni amalga oshirishda samarali foydalanish usullarini ishlab chiqish va zotlarning genofondini boshqarishda qo'llash imkonini beradi.

FOYDALANILGAN ADABIYOTLAR:

1. Айбазов, М.М. Современные биотехнологические методы и приемы интесификации воспроизводства овец и коз / М.М. Айбазов// Овцы, козы, шерстяное дело. - 2007. - № 4. - С. 54-56.
2. Айбазов, М.М. Криорезистентность эмбрионов коз в зависимости от стадии развития / М.М. Айбазов, Т. Мамонтова //Сборник научных трудов Всероссийского научно-исследовательского института овцеводства и козоводства. - 2013. - Т. 3. - № 6. - С. 14-17.
3. Айбазов, М.М. Перспективная биотехнология воспроизводства овец и коз / М.М. Айбазов, Т.В. Мамонтова, М.С. Сеитов //Сборник научных трудов Всероссийского научно-исследовательского института овцеводства и козоводства. - 2014. - Т. 1. - № 7 (1).- С. 3-7
4. Алтухов, Ю.П. Полиморфизм ДНК в популяционной генетике. / Ю.П. Алтухов, Е.А. Салменкова // Генетика. - 2002.- Т. 38. - № 9. - С. 1173-1195.
5. Амбросьева, Е.Д. Биохимические маркеры в свиноводстве (обзор). / Е.Д. Амбросьева // Аграрная Россия.- 2002. - № 5. - С. 19-30.
6. Аульченко, Ю.С. Методологические подходы и стратегии картирования генов, контролирующих комплексные признаки человека. / Ю.С. Аульченко, Т.И. Аксенович // Вестник ВОГиС, 2006. - Т. 10. - № 1. - С.189-202.
7. Багиров, В.А.Сохранение и рациональное использование генофонда животных / В.А. Бигиров, Ш.Н.Насибов, П.М. Кленовицкий, С.А. Лесин, В.А. Воеводин, Н.А. Зиновьева, Л.К. Эрнст, В.В. Калашников, В.А.Солошенко / Доклады Российской академии сельскохозяйственных наук. - 2010. - № 2. - С. 37.
8. Глазко, В.И. Введение в ДНК-технологии. /В.И. Глазко, И.М. Дунин, Г.В. Глазко, Л.А. Калашникова / М.:Росинформагротех, - 2001.- 436 с.
9. Зиновьева, Н. Методы маркер-зависимой селекции. / Н. Зиновьева, Е. Гладырь, Г. Державина, Е. Кунаева // Животноводство России. - 2006. - № 3. - С. 29-31.
10. Инструкция по пользованию набора COrDIS Cattle.

