MOLEKULYAR MARKERLAR YORDAMIDA LOVIYANING GENETIK POLIMORFIZMINI O‘RGANISH METODOLOGIYASI

O.M.Umirzoqova,
F.N.Kushanov,
F.A.Ruziyev
Sharof Rashidov nomidagi Samarqand davlat univetsiteti, 140100, O‘zbekiston.
e-mail: oygulumirzoqova001@gmail.com

Abstract. *This study presents the methodology for investigating the genetic polymorphism of common bean (Phaseolus vulgaris L.) using SSR molecular markers. Genomic DNA was isolated by the CTAB method, amplified by PCR, and analyzed through agarose gel electrophoresis. The methodology enables the assessment of genetic diversity and supports the identification of valuable genotypes for breeding.*

Keywords: *common bean (Phaseolus vulgaris L.), SSR markers, molecular markers, genetic polymorphism, genomic DNA, PCR, genetic diversity.*

Аннотация. *В работе представлена методология исследования генетического полиморфизма фасоли (Phaseolus vulgaris L.) с использованием SSR-маркеров. Геномную ДНК выделяли методом CTAB, проводили ПЦР-амплификацию и анализ продуктов в агарозном геле. Методика позволяет оценить генетическое разнообразие и выявить ценные генотипы для селекции.*

Ключевые слова: *фасоль (Phaseolus vulgaris L.), SSR-маркеры, молекулярные маркеры, генетический полиморфизм, геномная ДНК, ПЦР, генетическое разнообразие.*

Annotatsiya. *Ushbu tadqiqotda loviya (Phaseolus vulgaris L.) genotiplarining genetik polimorfizmini SSR molekulyar markerlari yordamida o‘rganish metodologiyasi bayon etilgan. CTAB usulida genom DNKsi ajratilib, PCR va agaroz gel elektroforezi orqali tahlil qilindi. Metodika genetik xilma-xillikni baholash hamda seleksiya uchun qimmatli genotiplarni aniqlash imkonini beradi.*

Kalit so‘zlar: *loviya (Phaseolus vulgaris L.), SSR markerlari, molekulyar markerlar, genetik polimorfizm, genom DNKsi, PCR, genetik xilma-xillik.*

Loviya (*Phaseolus vulgaris* L.) dunyo miqyosida oziq-ovqat xavfsizligini ta’minlashda muhim o‘rin tutadigan dukkakli ekinlardan biri hisoblanadi. Ushbu ekinning genetik resurslarini chuqur o‘rganish, mavjud genotiplar orasidagi farqlarni aniqlash va seleksiya jarayonlarini samarali olib borish uchun zamonaviy molekulyar

usullardan foydalanish katta ahamiyatga ega. An'anaviy morfologik belgilar asosida genotiplarni baholashda tashqi muhit omillarining ta'siri mavjud bo'lgani sababli, genetik o'zgaruvchanlikni aniqlashda DNK darajasidagi markerlardan foydalanish ishonchli natijalar beradi [1].

Mazkur tadqiqotda loviya genotiplarining genetik polimorfizmini baholashda SSR (Simple Sequence Repeat) markerlaridan foydalanishga asoslangan molekulyar tahlil metodologiyasi ko'rib chiqildi. SSR markerlar genomning turli qismlarida joylashgan qisqa takrorlanuvchi ketma-ketliklar bo'lib, yuqori polimorfizmga ega ekanligi sababli o'simliklarning genetik xilma-xilligini aniqlashda keng qo'llaniladi [2].

Tadqiqotning dastlabki bosqichida loviya o'simlik materiallaridan genom DNKsini ajratib olish muhim hisoblanadi. Bunda CTAB usuli o'simlik to'qimalaridan sifatli DNK olish imkonini beruvchi samarali metodlardan biri sifatida tanlangan. Ushbu usul yordamida olingan DNK keyingi molekulyar tahlillar, jumladan PCR reaksiyasi uchun mos holga keltiriladi [3].

SSR markerlari asosidagi PCR tahlili genotiplarning molekulyar profilini shakllantirish imkonini beradi. PCR jarayonida maxsus primerlar yordamida genomning tanlangan hududlari amplifikatsiya qilinadi. Hosil bo'lgan DNK fragmentlari agaroz gel elektroforezi orqali ajratilib, marker lokuslaridagi farqlar aniqlanadi. Ushbu bosqich genotiplar o'rtasidagi allel o'zgaruvchanligini baholash va genetik polimorfizm darajasini aniqlashda asosiy ahamiyatga ega [4].

SSR markerlar yordamida olingan molekulyar ma'lumotlar asosida genotiplarning genetik o'xshashligi, farqlanish darajasi va populyatsion strukturasi baholanishi mumkin. Bunday tahlillar nafaqat mavjud genetik resurslarni tavsiflash, balki seleksiya dasturlarida maqsadli ota-ona shakllarini tanlash uchun ham xizmat qiladi. Tadqiqotchilar tomonidan olib borilgan ishlar SSR markerlar loviyaning kelib chiqishi, genetik xilma-xilligi va evolyutsion munosabatlarini o'rganishda samarali vosita ekanligini ko'rsatgan [5].

Zamonaviy qishloq xo'jaligida iqlim o'zgarishi, suv tanqisligi va boshqa stress omillariga moslashgan navlarni yaratish dolzarb vazifalardan biridir. Molekulyar markerlar yordamida genetik farqlarni aniqlash seleksiya jarayonini tezlashtirish va foydali belgilarni tashuvchi genotiplarni tanlash imkonini beradi. Shu sababli SSR markerlari asosidagi metodologiya loviyaning genetik potensialini o'rganishda muhim ilmiy vosita hisoblanadi [6].

Loviya (*Phaseolus vulgaris* L.) genotiplarining genetik polimorfizmini SSR molekulyar markerlari yordamida baholash zamonaviy genetika va seleksiya uchun samarali yondashuv hisoblanadi. CTAB usulida DNK ajratish, PCR amplifikatsiyasi

va elektroforetik tahlil bosqichlarining uyg‘unligi genotiplarning molekulyar xususiyatlarini aniq baholash imkonini beradi. Ushbu metodologiyadan foydalanish loviya genetik resurslarini tavsiflash, qimmatli genotiplarni aniqlash va seleksiya dasturlarini takomillashtirishda muhim ahamiyat kasb etadi.

Foydalanilgan adabiyotlar

1. Gepts, P., & Debouck, D. G. (1991). Origin, domestication, and evolution of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). In A. van Schoonhoven & O. Voysest (Eds.), *Common Beans: Research for Crop Improvement*. CAB International.
2. Blair, M. W., Giraldo, M. C., Buendía, H. F., Tovar, E., Duque, M. C., & Beebe, S. E. (2006). Microsatellite marker diversity in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Theoretical and Applied Genetics, 112*, 100–109.
3. Doyle, J. J., & Doyle, J. L. (1990). Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus, 12*, 13–15.
4. Powell, W., Morgante, M., Andre, C., Hanafey, M., Vogel, J., Tingey, S., & Rafalski, A. (1996). The comparison of RFLP, RAPD, AFLP and SSR markers for germplasm analysis. *Molecular Breeding, 2*, 225–238.
5. Blair, M. W., Soler, A., & Cortés, A. J. (2012). Diversification and population structure in common bean based on molecular markers. *Theoretical and Applied Genetics, 125*, 175–188.
6. Beebe, S. E., Rao, I. M., Blair, M. W., & Acosta-Gallegos, J. A. (2013). Phenotyping common beans for adaptation to drought.*Frontiers in Physiology*,*4*,35.