

**MIKROORGANIZMDAGI GENLARNING TIBBIYOT VA
SANOATDAGI AXAMIYATI**

O'roqboyeva E'zoza Dadajon qizi

Sobirova Muqaddas Batirovna

O'zbekiston Milliy Universiteti Jizzax filiali

ezozaumaraliyeva4@gmail.com

Annotatsiya: Ushbu tizesda genom bo'yicha assotsiatsiyalar turli xil fenotiplar va kasalliklar bilan bog'liq bo'lgan 10 000 dan ortiq genetik variantlari o'rganilgan. Asosan aniqlangan kamdan-kam variantlar ketma-ketligi tahlili keng tarqalgan variantlardan farqli o'laroq, o'ziga xos xususiyatlariga ko'ra odamlarda murakkab kasalliklar genetikasida o'ziga xos rol o'ynagan. Noyob rollar - bu genlarning sababiy bog'liqligi uchun farazsiz dalil, kasallik mexanizmlarini tushunish uchun funktsional tahlilning aniq maqsadi, dori vositalarini ishlab chiqish uchun yangi qulay maqsad va shaxsiylashtirilgan tibbiyot uchun yuqori kasallik xavfi bo'lgan genetik marker. Butun genom ketma-ketligi ko'proq noyob variantlarni aniqlashda davom etar ekan, noyob variantlar bilan bog'liq rollar ham ortadi. Biroq, inson salomatligini yaxshilashga qo'shgan hissasini oshirish uchun noyob variantlarning butun genom bo'ylab funktsional ta'sirini yaxshiroq baholash kerak. Noyob genlar organizmlarning genetik xilma-xilligini belgilovchi muhim omillardan biridir. Ular odatda muayyan tur yoki individlarga xos bo'lib, evolyutsiya jarayonida yuzaga kelgan. Noyob genlar tibbiyot, qishloq xo'jaligi va biotexnologiya sohalarida keng qo'llaniladi.

Kalit so'zlar: Noyob genlar, fenotip, genom, "noyob genom", GWAS, C.elegans, bakteriyalar, "yadro-genom", "ajralmas genom"

Kirish: So'nggi 15 yil ichida genom bo'ylab assotsiatsiya tadqiqotlari (GWAS) turli kasalliklar va fenotiplar bilan bog'liq > 10 000 (ko'p hollarda keng tarqalgan) genetik variantlarni aniqladi. [1] Noyob variantlar o'ziga xos xususiyatlarga ega, jumladan, yonbosh variantlari bilan pastki bog'liqlik

nomutanosibligi, ba'zi noyob variantlarning gen funktsiyasi va ekspressiyasiga yuqori ta'siri va katta populyatsiyaning o'ziga xosligi, ular bilan noyob variantlar murakkab kasalliklar genetikasida o'ziga xos rol o'ynaydi.

2001 yilda inson genomining birinchi loyihasi tugallangandan beri, boshqa maymunlarga nisbatan bizning aniq morfologik va kognitiv qobiliyatimizni hisobga oladigan, o'ziga xos insonga xos bo'lgan genetik o'zgarishlarni aniqlashga qiziqish ortdi. Yaqinda ikkita yo'qolib ketgan hominin genomlari - Neandertal va Denisovanlarning qoralama ketma-ketligi e'lon qilingan. Bu ikki genom bizning eng yaqin qarindoshimiz bo'lgan shimpanzega qaraganda, insonga xos genetik farqlarni aniqlash uchun ancha katta ruxsat beradi. Neandertal genom qog'ozi, inson va neandertal bo'linishi davrida ijobiy tanlov bilan mo'ljallangan taxminiy hududlar ro'yxatini taqdim etdi. Bu yerda biz ushbu nomzod hududlarning evolyutsion tarixini tavsiflangan - zamonaviy inson populyatsiyalaridagi selektiv tozalash dalillarini, shuningdek, maymunlar orasida tezlashtirilgan adaptiv evolyutsiyani o'rganilgan. [2] .

Inson genomidagi genlar sonini hisoblash hisoblash biologiyasining eng asosiy muammolaridan biri bo'lib kelgan. Inson genomi uchun taxmin qilingan genlar soni 2001 yilda inson genomi loyihasi chiqqanidan keyin 100 000 dan 60 000, 40 000 va 30 000 ga kamaydi, keyin esa hozirgi taxminlar taxminan 23 0 ga [tushdi](#) . Bu raqam 17 000 dan ancha katta emas, *C.elegans*dagi genlar soni , uzunligi taxminan 1 mm bo'lgan model organizm va jami 1000 ga yaqin hujayralar. Sanoat mikrobiologiyasida esa noyob genlar fermentlar, antibiotiklar, probiotiklar, bioyoqilg'i va boshqa biotexnologik mahsulotlarni ishlab chiqarishda muhim ahamiyatga ega. Masalan, *Streptomyces* turkumiga mansub bakteriyalar tomonidan sintez qilinadigan noyob genlar turli xil antibiotiklarning tabiiy manbai hisoblanadi. Shuningdek, *Escherichia coli* va *Saccharomyces cerevisiae* kabi mikroorganizmlar genetik modifikatsiya orqali insulin, vaksinalar va boshqa farmatsevtik mahsulotlarni ishlab chiqarishda qo'llaniladi. Atrof-muhit mikrobiologiyasida esa noyob genlar tuproq va suv ekotizimlarida mikroorganizmlarning muhitni tozalashda (bioremediasiya) ishtirok etishini o'rganish uchun muhimdir. Masalan,

neft va og'ir metallar bilan ifloslangan muhitni tozalashda *Pseudomonas putida* va *Alcanivorax borkumensis* kabi mikroorganizmlar o'zining noyob genlari orqali organik ifloslantiruvchi moddalarni parchalash xususiyatiga ega.. Boshqa tomondan, inson tanasi nafaqat inson genomini o'z ichiga oladi. Mikroblar bizning tanamizda yoki o'pkada, terida, og'iz bo'shlig'ida va boshqalarda hamma joyda yashaydi. Yangi kontsepsiya insonni inson tanasida yoki uning ustidagi mikroblarni o'z ichiga olgan superorganizm deb hisoblashdir. Inson ichaklarida 100 trilliondan ortiq bakterial hujayralar mavjud bo'lib, ular insonning o'zidagi hujayralardan taxminan 10 baravar ko'pdir [3]. Bu bakteriyalar oziq-ovqatni hazm qilishga yordam beradi va inson tanasi tomonidan to'g'ridan-to'g'ri yig'ib bo'lmaydigan ozuqa va energiyani yig'adi [4], ya'ni inson o'zi uchun zarur bo'lgan ko'plab genlarni olgan, ammo bu genlar inson genomida rivojlanmagan. Inson ichak bakteriyasi jamoasining o'zgarishi semizlik, diabet, gipertoniya [5] va boshqalar bilan bog'liq. Shuning uchun ichak bakteriyalari, ayniqsa, surunkali va metabolizm bilan bog'liq kasalliklarga oid tadqiqotlar uchun issiq tadqiqot yo'nalishlaridan biriga aylandi. Shuningdek, u inson gen tarmoqlaridan foydalangan holda dori maqsadli genlarini topish uchun muhim tadqiqot yo'nalishiga aylanmoqda. Dori maqsadli genlari ham inson genlari va inson ichak bakteriyalari genlari aralashmasini o'z ichiga olgan o'xshash gen tarmoqlarini o'rganish orqali ham aniqlanishi mumkin. Ushbu yo'nalishdagi keyingi tadqiqotlar inson ichak mikroblari jamoasining gen tarkibini tushunishimizni talab qiladi. Undagi genlar sonini hisoblash biz ko'rib chiqayotgan muammo ko'lamini tushunishning eng muhim qadamlaridan biridir. Ichak mikroblarining xilma-xilligi va mikroblar genomidagi genlarning o'rtacha soniga asoslanib, inson ichak mikrobiotasidagi genlar soni bizning inson genomimizdan 100 baravar ko'p ekanligi taxmin qilingan. Tibbiy mikrobiologiyada noyob genlarning o'rganilishi kasallik qo'zg'atuvchi mikroorganizmlarning antibiotiklarga chidamlilik mexanizmlarini tushunishga va yangi davolash usullarini ishlab chiqishga yordam beradi. Xususan, multidrug-chidamli bakteriyalar (masalan, MRSA, *Klebsiella pneumoniae*, *Pseudomonas aeruginosa*) genetik mutatsiyalar natijasida antibiotiklarga chidamli bo'lib boradi. Bunday noyob genlarning

aniqlanishi yangi antibiotiklar va antibakterial terapiya strategiyalarini yaratishga asos bo'lishi mumkin. Pan-genom tadqiqotida odamlar barcha shtammlarda mavjud bo'lgan genlarga ega "yadro-genom", ikki yoki undan ortiq genomlarda mavjud bo'lgan "ajralmas genom" va har bir shtammga xos bo'lgan genlarga ega "noyob genom" ni tekshiradilar. Ayrim turlar uchun pan-genomlar uchun gen raqamlari hisoblangan [6] va ushbu turga tegishli shtammlardagi genlar sonidan turdagi genlarning umumiy sonini ifodalovchi modellar tuzilgan. Biroq, inson ichak bakteriyasi kabi mikroblar hamjamiyatida gen sonini hisoblash uchun qo'llaniladigan shunga o'xshash usul mavjud emas.

Xulosa

Ushbu tizesda noyob genlar tirik organizmlarning genetik xilma-xilligini shakllantiruvchi muhim elementlardan biri bo'lib, ularning chuqur o'rganilishi ilmfan va amaliyotda katta ahamiyat kasb etgan. Biotexnologiya, tibbiyot va qishloq xo'jaligi sohalarida noyob genlarni tadqiq etish natijasida yangi davolash usullari, stressga chidamli ekinlar va ekologik toza biotexnologik tizimlar ishlab chiqilmoqda. Tibbiyot sohasida noyob genlar irsiy kasalliklarni aniqlash, ularning oldini olish va gen terapiyasini rivojlantirish uchun katta imkoniyatlar yaratadi. Ayniqsa, personalizatsiyalangan tibbiyotda har bir insonning genetik xususiyatlariga asoslangan individual davolash usullarini ishlab chiqishda noyob genlarning roli katta. Bu esa genetik kasalliklarni samarali davolash, organizmning individual ehtiyojlarini hisobga olgan holda dori vositalarini ishlab chiqish va kasalliklarning oldini olishga imkon beradi. Qishloq xo'jaligida esa noyob genlardan foydalanish natijasida yuqori hosildor, iqlim o'zgarishlariga bardoshli va kasalliklarga chidamli o'simlik hamda chorva turlarini yaratish imkoniyati oshib bormoqda. Bu esa oziq-ovqat xavfsizligini ta'minlash va ekologik barqarorlikni saqlashga xizmat qiladi. Bundan tashqari, biotexnologiyada noyob genlarning amaliy qo'llanilishi sanoat biotexnologiyasi, bioyoqilg'i ishlab chiqarish, atrof-muhitni muhofaza qilish va yangi biomateriallarni yaratishda muhim o'rin tutadi. Xususan, chiqindilarni qayta ishlash, ifloslangan muhitni tozalash va biologik faollikka ega moddalarni ishlab chiqarish kabi yo'nalishlarda noyob genlarning ahamiyati ortib bormoqda. Shunday

qilib, noyob genlar fanda va texnologiyada katta innovatsion imkoniyatlarga ega bo'lib, kelajakda tibbiyot, qishloq xo'jaligi va ekologiya sohalarida yangi yutuqlarga yo'l ochishi mumkin. Ularning yanada chuqur o'rganilishi genetik muhandislik va biotexnologiyaning rivojlanishiga turtki bo'lib, insoniyat oldida turgan ko'plab global muammolarni hal etishda muhim ahamiyat kasb etadi.

FOYDALANILGAN ADABIYOTLAR RO'YXATI

Google schooler

- Momozawa Y., Mizukami K. Unique roles of rare variants in the genetics of complex diseases in humans //Journal of human genetics. – 2021. – T. 66. – №. 1. – C. 11-23. **(Google schooler)**
- Crisci J. L. et al. On characterizing adaptive events unique to modern humans //Genome biology and evolution. – 2011. – T. 3. – C. 791-798. **(Google schooler)**
- Turnbaugh PJ, Ley RE, Hamadi M, Fraser-Liggett CM, Knight R va boshqalar. (2007) Inson mikrobiomi loyihasi. Tabiat 449: 804–810. **(Google schooler)**
- Backhed F, Manchester JK, Semenkovich CF, Gordon JI (2007) Mikrobsiz sichqonlarda dietadan kelib chiqqan semirishga qarshilik ko'rsatadigan mexanizmlar. Proc Natl Acad Sci USA 104: 979–984. **(Google schooler)**
- Holmes E, Loo RL, Stamler J, Bictash M, Yap IK va boshqalar. (2008) Inson metabolik fenotipining xilma-xilligi va uning diet va qon bosimi bilan bog'liqligi. Tabiat 453: 396–400. **(Google schooler)**
- Medini D, Donati C, Tettelin H, Massignani V, Rappuoli R (2005) Mikrobial pan-genom. Curr Opin Genet Dev 15: 589–594. **(Google schooler)**