

11-MAVZU: POPULATSIYALARING GENETIK STRUKTURASI VA EVOLUTSIYANING GENETIK ASOSLARI

1.Populyatsiya haqida umumiy tushuncha.

Populyatsiya deyilganda tur tarqalgan arealning muayyan joyida uzoq muddat mavjud bo'lgan, o'zaro erkin chatishib nasl beradigan, ayrim belgilossalari bilan shu turga mansub boshqa populyatsiyalardan farq qiluvchi, nisbatan alohidalashgan organizmlar yig'indisi tushuniladi. Har bir populyatsiya turning kichik bir qismidir.

Populyatsiyalardagi irsiy o'zgarishlarni tadqiq qiluvchi genetikaning shaxobchasi **populyatsion genetika** deb ataladi. Populyatsiyalarni genetik tomondan o'rGANISH XX asrning dastlabki yillaridan boshlangan. Rus olimi **S.S.Chetverikov** 1926 yili chiqargan «Hozirgi zamon genetikasi nuqtai nazaridan evolyusion jarayonning ba'zi bir tomonlari» degan maqolasida har bir populyatsiya juda ko'p yashirin va oshkor mutatsiyalarni qamrab olganligini ta'kidlagan. U birinchi bo'lib **populyatsiya'ni genofondi** tushunchasini fanga joriy etdi va mazkur atama ostida populyatsiya'ning genetik imkoniyatlarini tushunish kerakligini ta'kidladi. Olimlardan **R.Fisherning** «Tabiiy tanlanishning genetik nazariyasi» (1930), **N.P.Dubininning** «Genetik-avtomatik jarayonlar va ularning evolyutsiyadagi roli» (1931), **S.Raytning** «Mendelcha populyatsiyalardagi evolyusiya» (1932), **N.P.Dubinin** va **D.D.Romashevning** «Turning genetik tuzilishi va uning evolyutsiyasi» nomli asarlarida populyatsiya genetikasining asoslari yaratildi.

2.O'z o'zidan urug'lanuvchi populyatsiyalarni genetik strukturasi.

O'z o'zidan urug'lanuvchi populyatsiyalarni genetik strukturasini birinchi bor **V.Iogansen** tomonidan o'rGANilib, uning natijalarini 1903 yili “Populyatsiya va toza liniyalarda irsiylanish» nomli asarida e'lon qilingan. V.Iogannsen tajribalarida o'z o'zidan changlanuvchi loviya (*Phaseolus vulgaris*) o'simligi olinib, uning donining og'irligi tahlil qilindi. Loviya bir navining donlarini og'irligi o'lchanilib variatsiya qatori tuzilganda, donlarning og'irligi 150 mg. dan 750 mg. gacha ekanligi ma'lum bo'ldi. Bular ichidan 250-350 mg. va 550-650 mg. donlilar alohida populyatsiya sifatida ajratib olinib ekildi. “Yengil” donli loviyalar populyatsiyasidan olingan hosilda donning o'rtacha og'irligi 443,4 mg. bo'lsa, “og'ir” donlilar populyatsiyasidan olingan hosilda donning o'rtacha og'irligi 518,7 mg. ni tashkil qildi. “Yengil” va “og'ir” donli loviya populyatsiyalari 6-7 avlod ekilib ularni donini o'rtacha vazni o'lchanganda sezilarli darajada o'zgarish ro'y bermaganligi ma'lum bo'ldi. Bu natija loviya navi genetik jihatdan farq qiluvchi o'simliklardan iborat ekanligi va har bir o'simlik yangi “sof liniya” uchun asos bo'lishi mumkinligi ko'rsatdi.

Shundan xulosa qilib aytish mumkinki o'z o'zidan urug'lanuvchi populyatsiyalar mutatsion o'zgaruvchanlik tufayli turli xil genotiplardan tashkil topgan bo'lsalarda, lekin ular o'zaro chatishmaganliklari sababli genotiplari nisbatan gomozigota holatida bo'ladi.

3.Chetdan urug'lanuvchi populyatsiyalarning genetik strukturasi.

Chetdan urug'lanuvchilarda organizmlarni o'zaro chatishishlari, ya'ni **panmiksiya** natijasida populyatsiya shakllangan bo'ladi. Shuning uchun ham ularni genetik strukturasi o'z o'zidan urug'lanuvchi populyatsiyalar genetik strukturasidan tubdan farq qiladi. Chetdan urug'lanuvchi populyatsiyalarning genetik strukturasi amerikalik genetiklar **D.Djonson** va **E.Istlar** tomonidan o'r ganilgan. Ular tamaki o'simligini gul tojlari turli uzunlikda bo'lgan turlarini chatishtirib duragay sun'iy populyatsiya olib unda gul tojlari uzunligi o'zgarishini kuzatdilar. F_2 dagi daragaylarning gul tojlarni uzunligi 52 mm dan 88 mm gacha bo'ldi. Ikkinci avlod duragay o'simliklar orasidan kalta gultojli va uzun gultojli (A va B) formalari ajratib olinib, birida gul tojlarni uzayishi tomon, ikkinchisida qisqarishi tomon sun'iy tanlash ishlari olib borildi. Sun'iy tanlash mobaynida A – liniyalarda gultojlarni qiskartirish tomon, ya'ni har bir avlodda olingan o'simliklarni gul tojlari eng qisqa formalarini o'zaro chatishtirish natijasida, B – liniyasida aksincha gul tojlarni uzaytirish tomon gul tojlari eng uzun bo'lgan formalari o'zaro chatishtirilib keyingi avlodlar olindi. F_5 ga kelganda A va B liniyalar gul tojlari bir biridan keskin farq qildi. Binobarin tamaki o'simligida gul tojlari uzunligini o'zgartirish bo'yicha olib borilgan sun'iy tanlash natijali bo'ldi. Demak chetdan urug'lanuvchi populyatsiyalar turli xil genotiplardan tashkil topgani uchun ularni genotiplari geterozigota holatida bo'lib tanlash natijasida o'zgarib turadi. (14-jadval)

14-jadval

Tamaki o'simligida gultoji barglarning uzunligi bo'yicha olib borilgan sun'iy tanlash natijalari

Gultoji bargning uzunligi	F_2 dagi o'simliklarning xilma-xilligi		Tanlash natijasida F_2 dagi o'simliklarning xilma-xilligi	
34	A	B	A	B
37	-	-	3	-
40	-	-	6	-
43	-	-	48	-
46	-	-	90	-
49	-	-	-	-
52	2	1	-	-
55	4	5	-	-
58	20	16	-	-
61	24	23	-	-

64	37	18	-	-
67	31	62	-	-
70	38	37	-	-
73	35	25	-	2
76	27	16	-	3
79	21	4	-	8
82	5	2	-	14
85	6	2	-	20
88	1	-	-	25
91	-	-	-	25
94	-	-	-	20
97	-	-	-	9

4.Populyatsiyalarda irsiylanish.

Tabiatda mutloq gomozigota bo'lgan populyatsiyalar uchramaydi. Chunki o'z-o'zini urug'lantiruvchi organizmlar ham vaqtı-vaqtı bilan chetdan chatishadi. Ikkinchidan populyatsiyalarda tashqi muhit ta'sirida mutatsion o'zgaruvchanlik ro'y beradi. Shunga ko'ra hech bir paytda yuz foiz gomozigota bo'lgan populyatsiyalarni topish mumkin emas. Masalan, g'o'za o'simligi o'z-o'zini changlantiruvchi o'simlik sanalsada, unda chetdan changlanish 20-25 foizni tashkil etadi. **Odilov S., Jalilov O., Jumabekov X.** ma'lumotlariga ko'ra g'o'zaning AN-209 navida 8, AN-208 navida 4, AN-211 navida 5, Toshkent-1 navida 6 xil genotipli formalar mavjud. Chetdan chatishadigan o'simlik, hayvon populyatsiyalari tarkibi har xil genotipga ega organizmlarning o'zaro erkin chatishishi bilan belgilanadi. Populyatsiyadagi u yoki bu genotipga ega organizmlar miqdori har xil genotipli ota-onalarni gametalarining o'zaro uchrash tezligiga bog'liq. Tabiiyki populyatsiya tarqalgan hudud sharoitiga moslashgan genotiplarning gametalarini o'zaro uchrashishlari shu sharoitga unchalik moslashmagan organizm genotip gametalarining o'zaro uchrashishlariga nisbatan ko'p bo'ladi. Bundan tashqari populyatsiyalarda doimo mutatsiyalar ro'y berishini hisobga oladigan bo'lsak tabiiy sharoitda tarqalgan har bir populyatsiya genetik jihatdan nihoyatda har xil genotiplardan tashkil topganligiga shubha qolmaydi.

Tabiiy sharoitda populyatsiya genetikasini o'rganishning bir usuli undagi bir gen bo'yicha gomozigota va geterozigota formalar qay darajada uchrashlik tezligini aniqlashdan iborat. Biror populyatsiyada AA va aa allellariga ega formalar teng deb faraz qilaylik. U holda bunday o'simlik populyatsiyasida urug'chi va changchi, hayvon populyatsiyalarida tuxum hujayra va spermatozoidlarda dominant va retsessiv allellari 0,5 A va 0,5 a teng bo'ladi, ularning o'zaro erkin

chatishishidan rivojlangan F₁ avlodda gomozigota AA-0,25, geterozigota Aa-0,50, gomozigota aa-0,25 nisbatda bo'ladi. Keyingi avlodlarda ham shu jarayonda gomozigota va geterozigota formalar erkin holatda chatishsalar dominant allel A-0,50, retsessiv allel a-0,50 nisbati uchraydi. Chetdan chatishuvchi populyatsiyalarda gen allellarini qanday irsiylanishini izohlash maqsadida 1908 yili Angliyada matematik **G.Xardi** va Germaniyada vrach **V.Vaynberg** bir-biridan mustasno populyatsiyalar genotipik va fenotipik sinflarining tarqalishiga oid formulani fanga joriy etdilar. Ularning mulohazasiga binoan ma'lum sharoitlarda allellarning takrorlanishi o'zgarmasa, mutatsiya ro'y bermasa populyatsiyalarda dominant va retsessiv formalarining o'zaro nisbati o'zgarmay qoladi. Xardi-Vaynberg formulasiga ko'ra populyatsiyadagi dominant allelning chunonchi D ning uchrash tezligi q, retsessiv d allelining uchrash tezligini esa (1-q) bilan belgilansa ularning o'zaro uchrashishidan hosil bo'lgan avlodlarda genotipik sinflar nisbati shunday bo'ladi:

♂ ♀	qD	(1-q)d
qD	$q^2 DD$	$q(1-q) Dd$
(1-q)d	$q(1-q) Dd$	$(1-q)^2 dd$

Agar olingan natijalarni jamlasak u holda Xardi-Vaynberg formulasiga ko'ra genotipik va fenotipik sinflarning taqsimlanishi tubandagicha ko'rinishda bo'ladi:

$q^2 DD : 2q(1-q)Dd : (1-q)^2 dd$. Ushbu formulaga muvofiq mazkur populyatsiyada tanlanish ro'y bermasa fenotipik va genotipik sinflar nisbati bir necha avlodlarda o'zgarmay qoladi. Fenotipik sinflarning o'zaro nisbati belgilar oraliq holda irsiylanishida yaqqol namoyon bo'ladi. Nazariy jihatdan chetdan urug'lanuvchi populyatsiyalarda genotipik sinflar Xardi-Vaynberg formulasiga binoan teng nisbatda bo'ladi. Shunday bo'lsada, chetdan changlanuvchi populyatsiyalar Xardi-Vaynberg qonunida ko'rsatilgan tenglikdan chetlashgan bo'ladi va bu Xardi-Vaynberg notengligi deyiladi. O'z-o'zini urug'lantiruvchi organizmlardagi irsiylanishga Xardi-Vaynberg qonuni tadbiq etilmaydi.

5.Populyatsiya'ning genetik dinamikasiga ta'sir etuvchi omillar.

Evolusion jarayonda populyatsiyadagi bir genotip ikkinchi xil genotip bilan almashinib turishi mumkin. Bu esa sifat jihatdan farq qiluvchi genotiplar sonining o'zgarishiga olib keladi. Populyatsiyadagi genotiplar nisbatining o'zgarishi populyatsiya dinamikasining mohiyatini ifoda etadi. Populyatsiya'ning genetik jihatdan o'zgarishi mutatsion va kombinativ o'zgaruvchanlik bilan uzviy bog'liq holda amalga oshadi. Populyatsiya dinamikasining genetik omillariga mutatsion jarayon, tanlanish, alohidalanish, populyatsiyalar to'lqini va genlar dreyfi kiradi.

A) Mutatsion jarayon: populyatsiyadagi genlar tezligini nisbatan doimiy takrorlanishi mutatsiyalar kuzatilmasa yuz beradi. Biroq populyatsiyalarda vaqtiga qo'shilish bilan mutatsiyalar sodir bo'lishi tabiiy bir hol. Mutatsiyalar populyatsiyalar evolyutsiyasini o'zgartiruvchi birlamchi irsiy omil sanaladi. Irsiy birlik hisoblangan genda mutatsiya ro'y berishi ahyon-ahyonda kuzatiladigan hodisa

bo'lsada, shunga qaramay organizmlarda genlar soni, populyatsiyada esa organizmlar soni ko'p bo'lgani sababli har bir populyatsiyada mutatsiyalarning paydo bo'lish ko'lami katta bo'ladi. Har qanday mutatsiya tarixiy jarayonda tarkib topgan nisbatan muqim genetik sistema bir butunligini o'zgartiradi. Chunonchi, A gen alleli mutatsiyaga uchrab a allelini hosil esa, avlodlarda bora-bora A alleli son jihatdan kamayib, a alleli qulay sharoitda aksincha ko'paya boradi. Xuddi shunday mulohazani B yoki C geniga nisbatan ham aytish mumkin. Populyatsiyadagi gen allellari muvozanatini o'zgarishi uning genetik tarkibini o'zgarishiga olib keladi. Lekin populyasiya genofondida yangi mutatsiya'ning tarqalishi uning organizm hayotchanligiga, urchishiga qanday ta'sir etishiga bog'liq. Agar mutatsiyalar orasida letal, yarim letal, pushtga salbiy ta'sir etuvchi xillarini uchrashligi e'tiborga olinsa, u holda ana shunday mutatsiyalar hisobiga populyatsiyadagi individlar soni kamaya boradi.

Ko'p holatlarda yangi mutatsiya populyatsiya uchun zararli, ahyon-ahyonda esa foydali bo'lishi mumkin. Dominant mutatsiya geterozigota holatda fenotipda retsessiv mutatsiya faqat gomozigota holatdagina tanlanish nazoratida bo'ladi. Retsessiv mutatsiya'ni populyatsiyada ko'payishi, gomozigota holatda bo'lishi shu gen bo'yicha geterozigota organizmlarning uchrashish tezligiga bog'liq. Populyatsiya egallagan maydon kichik bo'lsa geterozigota organizmlarning o'zaro uchrashish ehtimoli ko'proq, katta bo'lsa retsessiv allel genni gomozigot holatga o'tish ehtimoli kamroq bo'ladi.

B) Populyatsiya'ning genetik dinamikasida tanlanishning roli: muhit sharoitiga moslashgan organizmlarni yashab, nasl qoldirishi **tanlanish** deyiladi. Shaxsiy taraqqiyotida organizm yashab, nasl qoldirishi ko'p jihatdan muhit sharoitiga qay darajada moslashganligi bilan izohlanadi. Populyatsiya genetikasini bilish genotipning tanlash qiymatini aniqlash imkonini beradi. Biror populyatsiyada gomozigota retsessiv alleli organizmlar (aa) 99%, dominant alleli (AA) organizmlar esa 100% nasl qoldiradi deb faraz qilaylik. Ular orasidagi tanlanish farqi ya'ni genotiplarni tanlanish koeffitsienti S ni ifodalasak, bu populyatsiyada tanlanish koeffitsienti $S=1,00-0,99=0,01$ ga teng bo'ladi. Mabodo populyatsiyada dominant va retsessiv allellarga ega organizmlarning yashab qolish va nasl qoldirish ehtimoli teng bo'lsa, tanlanish koeffitsienti 0 bo'ladi. Populyatsiyadagi ikki xil AA, aa allellariga ega organizmlardan biri pushtsiz bo'lib nasl qoldirish imkoniyatiga ega bo'lmasa, u holda tanlanish koeffitsienti 1 ga teng bo'ladi. Agar, gomozigota retsessiv alleli organizmlar tanlanish tufayli yaroqsizga chiqarilsa, u holda avlodlar sari bu allelning populyatsiyadagi uchrashlik darjasini kamaya boradi. Tanlanish doimo muhit sharoitiga mos bo'lмаган genlarning dominant holatda tarqalishini cheklab boradi. Shu ma'noda yashash uchun kurashning organizmlar orasidagi nasl qoldirish bo'yicha o'zaro poygaga qiyoslash mumkin. Ana shunday poyga natijasida populyatsiyadagi juda zararli mutatsiyalar to'plami unchalik zararli bo'lмаган populyatsiyalar to'plamiga qaraganda kamaya boradi. Aksincha muhit sharoitiga moslashgan mutatsiyalarning populyatsiyadagi to'planishi orta boradi. U yoki bu genlar to'planishi populyatsiyalardagi organizmlar soni bilan aloqador. Populyatsiyalarda individlar soni kam bo'lsa bir

xil allelli organizmlarning o'zaro uchrashishi tez-tez bo'ladi. Natijada populyatsiyada gomozigota formalar foizi oshadi va oqibatda tanlanish zararli mutatsiyalarni tez bartaraf etadi. Populyatsiyada organizmlar soni ko'p bo'lган taqdirda bir xil allelli organizmlarning o'zaro uchrashligi ahyon-ahyonda ro'y beradi, natijada tabiiy tanlanish zararli mutatsiyalarga kam ta'sir ko'rsatadi va ular populyatsiya genofondida o'zak davr saqlana boradi.

Populyatsiyadagi dominant va retsessiv allellarni bartaraf etilish tezligi har xil. Populyatsiyalarda dominant allellar retsessiv allellar singari letal, yarim letal, qisman pushtsiz, to'liq pushtsiz formalarni va har xil morfologik, fiziologik kamomadlarni keltirib chiqaradi.

Bunday dominant letal, yarim letal va pushtsizlikni keltirib chiqaruvchi genlar tanlanish tufayli birinchi avloddayoq yaroqsizga chiqadi. Yashovchanligi nisbatan past boshqa dominant genlarni tabiiy tanlanish bir necha avlodlar mobaynida bartaraf etadi. Agar dominant genlar mutatsiyasi organizmning muhitga moslashishini oshirsa u holda tanlanish bunday dominant genlarni avloddan-avlodga o'tgan sari ko'payishni ta'minlaydi. Retsessiv mutatsiyalar dominant mutatsiyalardan farqli ravishda geterozigota holatda populyatsiyalarda to'plana boradi va mutatsiyalarning katta zahirasini hosil qiladi.

Agar retsessiv mutatsiyalar o'ta zararli va pushtsiz bo'lsa, u holda tanlanish ularni populyatsiya tarkibidan bartaraf etadi. Mabodo retsessiv allel populyatsiya tarkibida 0,5% ni tashkil esa, u holda Xardi-Vaynberg qonuniga binoan AA-0,25, Aa-0,50, aa-0,25 ga teng bo'ladi. Demak, tanlanish retsessiv mutatsiyalarni populyatsiya tarkibidan to'liq bartaraf eta olmaydi.

V) Alohidalanish: har bir tur turli populyatsiyalardan tashkil topadi. Agar bir populyatsiya bilan ikkinchi populyatsiya o'rtasida genlar almashinushi ro'y bermasa, mazkur populyatsiya shu turning boshqa populyatsiyalaridan alohidalaшиб ketadi. Bunday alohidalanish uzoq muddat davom esa hamda ulardagi tanlanish turli yo'nalishda bo'lsa, populyatsiyalarning bir-biridan farqlanishi orta boradi va nihoyat ular kenja turlarga, agar bu jarayon yana davom esa yangi turlar ajraladi.

Populyatsiyalarning bir-biridan alohidalanishi geografik, ekologik, biologik, yuksak hayvonlarda esa yana etiologik omillar ta'sirida ro'y beradi. Geografik omillarga populyatsiya tarqalgan hududlar orasida baland tog'larni, katta daryolarni, suv havzalarni paydo bo'lishi kiradi. Ekologik omillar deganda iqlim, tuproqni, namlikni o'zgarishi tufayli tur tarkibidagi turli populyatsiya orasida erkin chatishish bo'lmasligi tushuniladi. Masalan, dengizda yashab daryolarda urchiydigan baliqlarni alohida-alohida populyatsiyalari bo'lib, ular bir-biridan tana kattaligi, rangi, tuxum tashlash vaqtini, uning miqdori, yoshi, jinsiy yetilishi bilan tafovut qiladi. Bunday tafovutlar muhit ta'sirida paydo bo'lган modifikatsion o'zgarishlar emas, balki irsiylanish oqibati hisoblanadi. Alohidalanishning biologik omillariga meyoz bo'linishning normal bo'lmasligi oqibatida o'zaro chatishishga to'sqinlik qiluvchi kamomatli gametalarni hosil bo'lishi, xromosoma

abberatsiyalari, yadro-sitoplazmatik nomuvofiqlik, letal mutatsiyalar va pushtsizlikni ortib ketishi kabi holatlar kiradi.

G) Genlar dreyfi. Har bir populyatsiya o'ziga xos gen allellariga ega. Agar populyatsiya tarkibidagi individlar son jihatdan ko'p bo'lsa, dominant allel bilan retsessiv allel o'rtasida muvozanat uzoq vaqt saqlanishi mumkin. Mabodo populyatsiya tarqalgan xududda favqulodda hodisa-yong'inlar, yer qimirlashi, urushlar, epidemiya ro'y berishi natijasida ma'lum bir genotipni saqlanib qolishi, uning keyinchalik populyatsiyada keng tarqalishi natijasida tor doiradagi genlar to'plamini vujudga kelishi **genlar dreyfi** deb ataladi. Ayrim holatlarda genlar dreyfi populyatsiyadan tasodifan ajralgan kam sondagi individlar avlodida ham kuzatiladi. Masalan 1770 yili Amerikaning Lankaster shahriga ko'chib kelgan mennonit mazhabiga mansub uch erkak va ayoldan tug'ilgan nasllarning alohidalashgan holda yashashi va o'zaro nikohlanishi tufayli paydo bo'lgan 8000 odamlar populyatsiyasida anchagina pakpakana va ortiqcha barmoqli shaxslar uchragan. Mennonitlarning AQSh da tarqalgan boshqa guruhlarida esa bunday irsiy kasallik kuzatilmagan.

Populyatsiyadan alohidalashgan organizmlardagi allellar to'plami undan farq qilishi mumkin. Xususan bundan taxminan 10000 yil ilgari, muzlanish davrining oxirida Osiyoning Bering bo'g'ozi Kanada orqali Amerikaga o'tgan indeyslar guruhidha faqat B alleli uchragan. Mana shu indeys guruhi alohida yashashi tufayli ularning erkak va ayollarini nikohlanishidan paydo bo'lgan hozirgi indeyslar populyatsiyasida B qon guruhi uchraydi. yangi populyatsiya uchun oson bo'lgan gen allellariga ega organizmlar avlod boshi deyiladi.

6.Evolyutsiya'ning genetik asoslari.

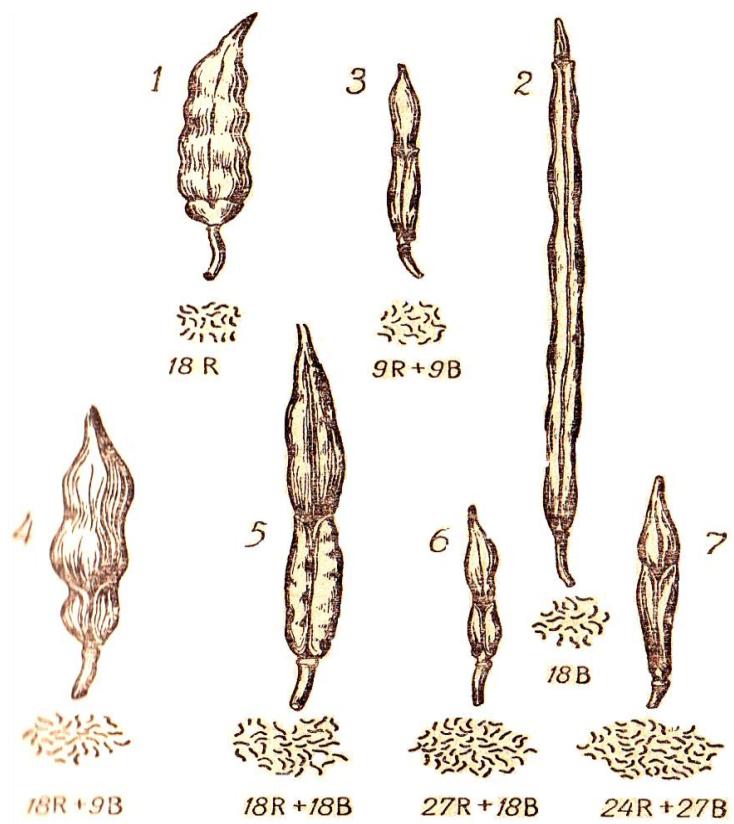
Populyatsiyadagi genetik o'zgarishlar albatta mikroevolyutsiyaga sababchidir. Gen mutatsiyasidan tashqari xromosoma va genom mutatsiyalari organizmlarning tarixiy taraqqiyotida muhim rol o'ynaydi. O'simliklar ayniqsa gulli o'simliklar evolyutsiyasida poliploidiya'ning o'rni nihoyatda beqiyosdir. Sitologik tadqiqotlarni ko'rsatishicha gulli o'simliklarning ko'p turkumlari poliploid turlardan tashkil topgan. Chunonchi kartoshka 12, 24, 36, 45, 60, 72, 96, 108, 144 xromosomali turlari mavjud. Bug'doyda esa 14, 28, 42 xromosomali, g'o'zada 26, 52 xromosomali turlar uchraydi. Bunday poliploid turlar suli, sholi, yeryong'oq, tamaki, gladiolus, gulsafsar, lola, malina, olxo'ri, olma, nok, limon, apelsin va boshqa gulli o'simliklarda aniqlangan. Ochiq urug'li o'simliklarda poliploidiya kam, lekin qirqquloqlarda, yo'sinlarda ular topilgan. Diploid turlarga nisbatan poliploid formalar odatda yirik, noqulay sharoitda yashovchan bo'ladi. Shu sababli Arktikada o'suvchi o'simliklarning 70%, Pomirdagilarning 86%, Oltoydagagi o'simliklarning 65% poliploid turlar sanaladi. Poliploid mutatsiyalarni tabiiy tanlanish orqali tanlanishiga asosiy sabab shuki hujayrada xromosomalar soni karra oshganda zararli retsessiv mutatsiyalarni gomozigota holatga o'tish ehtimoli diploid xromosomali formalarga nisbatan kam bo'ladi. Bu ayniqsa o'z-o'zini changlatuvchi o'simliklar uchun o'ta muhim. Chunki xromosomalari

diploid bo'lgan organizmlari retsessiv mutatsiyalarni gomozigota holatga o'tishi tez ro'y beradi.

Yangi turlarni hosil bo'lishida bir turga mansub xromosomalarni karra ortishi – avtopoliploidiya bilan bir qatorda bir organizmda har xil turlarga oid xromosomalarning karra ortishi – allopolliploidiya'ni ham ahamiyati kattadir. Odatda o'simlik, hayvonlarda turlararo duragaylar pushtsizdir. Bunga yorqin misol tariqasida ot bilan eshakning chatishishidan tug'ilgan xachirning nasl bermasligini olsa bo'ladi. Turlararo duragaylarning nasl bermasligi sababi quyidagicha: duragaylarda har xil turlardan o'tgan xromosomalar meyozda o'zaro kon'yugatsiyalashmamasligi sababli univalentlar ko'p bo'ladi. Natijada meyoz mahsuloti-gametalar hayotchan bo'lmaydi. Agar turlararo duragaylarning xromosomalari ikki karra ortsu, u holda meyoz jarayoni normal kechadi. Chunki shunday tetraploid o'zida chatishishda qatnashgan har ikki turning diploid to'plamli xromosomalarini jamlagan bo'ladi. Oqibatda har bir turning xromosomalari o'zaro kon'yugatsiyalashdilar va ikki qutbga tarqalib gaploid to'plamli xromosomalarini bor gametalarni hosil qiladilar. Turlararo duragaylarning xromosomalar to'plamini ikki karra oshirish hisobiga o'simliklarni pushtli qilish mumkinligin **G.D.Karpechenko** avlodlararo chatishtirishdan olingan karam va turp duragaylarida isbotlab berdi (70-rasm). Bu ikki o'simlik turining xromosomalari diploid to'plami $2n=18$ ga teng. Ularni o'zaro chatishtirishdan olingan duragayda 9 ta turjni, 9 ta karamni xromosomasi jamlangani sababli, meyoz jarayonida har ikki turga mansub xromosomalar bilan kon'yugatsiya hosil etmagan va gametalar kamomatli bo'lgan. Ayrim holatlarda duragay hujayrasida 18 karam, 18 turp xromosomali uchrashi kuzatilgan. Bunday hujayralar meyoz bo'linishda normal gametalarni hosil qilgani sababli urug'chi bilan changchi gametalarini birlashishi normal bo'lib hosil bo'lgan zigotadan karam-turp o'simligi rivojlangan.

G'o'zaning ham 52 xromosomali yangi dunyo turlari G.hirsutum. va G.barradense. eski dunyo turlari G.herbaceum, G.arboreum turlarini Janubiy Amerikaning yovvoyi G.raimondi turi bilan chatishishi va duragay xromosoma to'plamini ikki karra ortishi hisobiga kelib chiqqan degan fikrlar bor.

Odatda auto va allopolliploid turlar diploid turlardan reproduktiv jihatdan alohidalashgan. Shunga ko'ra ular o'zaro chatishmaydilar, agar chatishsalar F₁ duragaylar pushtsiz bo'ladi. Ba'zan meyoz va mitoz bo'linishda bir qiz hujayraga 1-2 xromosoma ortiqcha yoki kam taqsimlanishi mumkin. Bu hodisa aneuploidiya deb ataladi. Aneuploidiya'ning evolyutsion ahamiyati kam. Chunki u ko'pgina xollarda fenotipni keskin o'zgartirib, letal – hayotchanlik pasayishiga olib keladi. Xromosoma mutatsiyalari orasida duplikatsiya'ning evolyutsion ahamiyati katta. Duplikatsiya xromosomadagi genlar sonini ko'payishi va xilma-xil bo'lishini asosiy sababchidir.



70 -rasm. *Rhaphanus* va *Brassica* hamda ular duragaylarining mevalari va xromosomalar to'plami. 1 – *Rhaphanus*. 2 – *Brassica*. 3 – F_1 duragay. 4 – triploid duragay. 5 – tetraploid duragay. 6 – pentaploid duragay. 7 – geksaploid duragay. R – turp xromosomalari. B – karam xromosomalari.

Xromosomalar deletsiyasi duplikatsiyaga qaraganda fenotipni ko'proq o'zgarishiga sababchi sanaladi. Deletsiya gomozigota holatda letal xossaga ega bo'ladi. Translokatsiya va inversiya tufayli paydo bo'lgan mutant formalar mutatsiyaga uchramagan formalar bilan chatisha olmaydi. Natijada populyatsiya ichida evolyutsion divergensiya ro'y beradi. Gomologik bo'lмаган xromosomalar orasidagi translokatsiya ba'zan yangi turlarni kelib chiqishi uchun asos bo'ladi.

Savollar va topshiriqlar.

- 1.O’z-o’zidan changlanadigan organizmlar populyatsiyasida genetik jarayonlar nimalardan iborat?
- 2.Chetdan changlanadigan organizmlarning populyatsiyasida genetik jarayonlar nimalardan tashkil topadi?
- 3.Xardi-Vaynberg qonuni. Unga ta'sir etuvchi omillarni yoriting.
- 4.Populyatsiya’ning genetik dinamikasini o’rganishda mutatsiya jarayonining rolini gapiring?
- 5.Populyatsiya’ning genetik dinamikasini o’zgarishida tanlash qanday rol o’ynaydi?
- 6.Genlar dreyfi deganda nimani tushunasiz? Uning qanday ahamiyati bor?
- 7.Tanlanish koeffitsienti qanday aniqlanadi?
- 8.G.D.Karpachenko tajribasining ahamiyati nimada?
- 9.Poliploidiya nima?
10. Populatsiya, populyatsiya genofondi, populyatsion genetika nima?
11. Populyatsiyadagi irsiylanishni o’rganishda qaysi o’zbek olimlarini ishlarini bilasiz?
12. Populyatsiyalarning alohidalanish xillari?
13. Populyatsiya to’lqinlarini tushuntiring.
14. Populyatsiyadagi genetik o’zgarishlar nimalarga olib keladi?