CHUCHUK SUV BALIQLARINI MOLEKULYAR-GENETIK IDENTIFIKATSIYALASHDA DNK-BARKODLASH USULINING AHAMIYATI

Maxammadjonova Dilobar Abdumutallib qizi
Mustaqil tadqiqotchi
Maxammadjonnovmuzaffar314@gmail.com
https://doi.org/10.5281/zenodo.23275835

Annotatsiya

Ushbu sharh maqolada chuchuk suv baliqlarini tur darajasida aniqlashda molekulyar biotexnologiyaning muhim yo‘nalishlaridan biri — DNK-barkodlash usulining ilmiy va amaliy ahamiyati yoritiladi. Baliqlarni faqat morfologik belgilar asosida aniqlashda yosh davrlari, tashqi o‘xshashlik, jinsiy dimorfizm va muhit ta’sirida yuzaga keladigan o‘zgarishlar qiyinchilik tug‘dirishi mumkin. Mitoxondrial sitoxrom-c-oksidaza I (COI) genining standart fragmentini tahlil qilish esa morfologik identifikatsiyani molekulyar dalillar bilan to‘ldirish imkonini beradi. Maqolada namuna olish, DNK ajratish, polimeraza zanjir reaksiyasi (PZR), sekvenslash hamda GenBank va BOLD kabi ma’lumotlar bazalari bilan taqqoslash bosqichlari ko‘rib chiqiladi. O‘zbekiston baliqlari bo‘yicha chop etilgan tadqiqot DNK-barkodlashning mintaqaviy ixtiologiya uchun amaliy qiymatini ko‘rsatadi. Shu bilan birga, usulning cheklovlari va morfologik, ekologik hamda genetik ma’lumotlarni birgalikda baholash zarurligi ta’kidlanadi.

Kalit so‘zlar: ixtiologiya, biotexnologiya, DNK-barkodlash, COI geni, chuchuk suv baliqlari, molekulyar identifikatsiya, biologik xilma-xillik.

Abstract

This review discusses the scientific and practical value of DNA barcoding for molecular identification of freshwater fishes. Morphological identification can be difficult when species are closely related, specimens are juvenile or damaged, or diagnostic traits vary with age and environment. Sequencing a standardized fragment of the mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I (COI) gene can complement conventional taxonomy. The article outlines the general workflow, including sampling, DNA extraction, PCR amplification, sequencing and comparison with reference databases such as GenBank and BOLD. Published work on Uzbekistan’s fishes demonstrates the relevance of this approach to regional ichthyology. The review also emphasizes limitations and the need to interpret barcode results together with morphology, ecology and additional genetic evidence.

Keywords: ichthyology, biotechnology, DNA barcoding, COI gene, freshwater fishes, molecular identification, biodiversity.

Аннотация

В обзоре рассматривается научное и практическое значение ДНК-баркодирования для молекулярной идентификации пресноводных рыб. Определение видов только по морфологическим признакам может быть затруднено у близкородственных видов,

молоди и повреждённых экземпляров. Анализ стандартного фрагмента митохондриального гена COI дополняет традиционные методы систематики. Описаны основные этапы подхода: отбор образцов, выделение ДНК, ПЦР, секвенирование и сравнение последовательностей с базами GenBank и BOLD. Отдельно отмечено значение опубликованных исследований рыб Узбекистана для региональной ихтиологии, а также необходимость комплексной интерпретации молекулярных, морфологических и экологических данных.

Ключевые слова: ихтиология, биотехнология, ДНК-баркодирование, ген COI, пресноводные рыбы, молекулярная идентификация, биоразнообразие.

1. Kirish

Chuchuk suv ekotizimlaridagi baliqlar oziq zanjirlari, modda aylanishi va mahalliy xo‘jaliklar uchun muhim biologik resurs hisoblanadi. Ularning tur tarkibini to‘g‘ri aniqlash biologik xilma-xillikni baholash, noyob turlarni muhofaza qilish, baliqchilikni boshqarish va invaziv turlarni kuzatish uchun zarur. An’anaviy ixtiologiyada tana shakli, tangachalar, suzgich nurlari, rang va boshqa morfologik belgilar keng qo‘llanadi. Biroq ayrim turlar tashqi ko‘rinishi bilan juda o‘xshash bo‘lishi, yosh baliqlarda diagnostik belgilar hali to‘liq shakllanmagan bo‘lishi mumkin.

Biotexnologiya rivoji biologik obyektlarni DNK darajasida o‘rganish imkoniyatini kengaytirdi. DNK-barkodlash — organizmning standart genetik hududini sekvenslab, olingan ketma-ketlikni ma’lumotlar bazasidagi ishonchli referenslar bilan solishtirishga asoslangan yondashuvdir. Baliqlarda mitoxondrial COI geni ko‘p hollarda tur identifikatsiyasi uchun qo‘llanadi [1, 2]. Bu usul an’anaviy sistematikani almashtirmaydi, balki mustaqil molekulyar dalil bilan boyitadi.

2. Tadqiqotning maqsadi va vazifalari

Maqolaning maqsadi — chuchuk suv baliqlarini molekulyar-genetik identifikatsiyalashda DNK-barkodlashning o‘rni, asosiy bosqichlari, imkoniyatlari va cheklovlarini ilmiy adabiyotlar asosida tahlil qilish.

Vazifalar: 1) baliqlarni morfologik aniqlashdagi muammolarni umumlashtirish; 2) COI markeriga asoslangan DNK-barkodlash jarayonini tavsiflash; 3) xalqaro ma’lumotlar bazalarining vazifasini ko‘rsatish; 4) O‘zbekiston ixtiofaunasi bo‘yicha chop etilgan natijalarning ahamiyatini baholash; 5) usulni qo‘llash bo‘yicha amaliy tavsiyalarni shakllantirish.

3. Materiallar va metodlar

Ushbu ish original laboratoriya tajribasi emas, balki ilmiy-adabiy sharhdir. Tahlil uchun baliqlarni DNK-barkodlash, chuchuk suv hayvonlarining molekulyar identifikatsiyasi va O‘zbekiston baliqlarining genetik xilma-xilligi bo‘yicha taqrizdan o‘tgan maqolalar tanlandi. Manbalar PubMed, Nature/Scientific Reports va ixtiologiyaga ixtisoslashgan ilmiy jurnallarda e’lon qilingan ishlarni qamrab oladi. Maqoladagi umumlashtirishlar manbalarda keltirilgan natijalarga asoslanadi; yangi tajriba natijalari sifatida talqin qilinmasligi kerak.

Amaliy tadqiqotda odatda namuna tur va yig‘ilgan joy haqidagi metama’lumot bilan qayd etiladi; to‘qimadan genomik DNK ajratiladi; COI hududi PZR yordamida ko‘paytiriladi;

mahsulot sifati tekshiriladi va sekvenslanadi. Olingan ketma-ketlik tahrirlanib, GenBank yoki BOLD referenslari bilan taqqoslanadi. Identifikatsiya faqat eng yuqori o‘xshashlik foiziga tayanib yakunlanmasligi lozim: referens namunaning ishonchliligi, geografik tarqalish, taksonomik sinonimlar va morfologik dalillar ham tekshiriladi.

4. DNK-barkodlashning biologik asosi

COI geni mitoxondriyada joylashgan bo‘lib, hayvonlarda keng qo‘llanadigan standart barkod hududidir. Tur ichidagi ketma-ketliklar odatda bir-biriga yaqin, turli turlar orasidagi farqlar esa ko‘pincha kattaroq bo‘ladi. Tur ichidagi va turlararo genetik masofalar o‘rtasidagi farq “barkod oralig‘i” (barcode gap) deb ataladi. Biroq bu farq barcha taksonlarda bir xil darajada namoyon bo‘lmaydi: yaqinda ajralib chiqqan turlar, gibridlanish, mitoxondrial introgressiya yoki ma’lumotlar bazasidagi xatolar identifikatsiyani murakkablashtirishi mumkin [1, 2].

Shu sababli COI ketma-ketligi tur nomini avtomatik tasdiqlovchi mutlaq mezon emas. U morfologik tavsif, tarqalish hududi va zarur holatlarda boshqa genetik markerlar bilan birgalikda talqin qilinadi. Noma’lum yoki bahsli namunalar uchun mutaxassis taksonomik tekshiruvi va voucher-namunani saqlash muhim.

5. O‘zbekiston ixtiofaunasi uchun ahamiyati

Sheraliev va Peng tomonidan Scientific Reports jurnalida e’lon qilingan tadqiqot O‘zbekiston ichki suvlaridagi baliqlarni DNK-barkodlashga oid muhim manbalardan biridir. Mualliflar 666 namunani tahlil qilib, 59 turga tegishli COI barkodlarini o‘rgangan; tadqiqotda turlarning 89,3 foizini DNK-barkodlash orqali farqlash mumkinligi qayd etilgan [3]. Bu ko‘rsatkich usulning katta imkoniyatini ko‘rsatishi bilan birga, barcha turlarni xatosiz ajratish kafolatlanmasligini ham bildiradi.

Mualliflar ayrim taksonlarda ma’lumotlar bazalaridagi nomlar va taksonomik talqinlar o‘rtasida tafovutlar bo‘lishi mumkinligini ham ko‘rsatadi [3]. Markaziy Osiyoda baliqlarni molekulyar usullarda o‘rganish uchun mahalliy referens bazalar, geografik jihatdan keng namuna olish va morfologik voucher materiallari ayniqsa muhim. O‘zbekiston suv havzalaridagi turlarni ishonchli identifikatsiyalash baliq resurslarini monitoring qilish va muhofaza rejalari uchun ilmiy asos yaratadi.

6. Afzalliklar va cheklovlar

DNK-barkodlashning afzalliklari: yaqin turlarni ajratishga ko‘maklashishi; lichinka yoki shikastlangan namunalarni aniqlash imkoniyati; turli laboratoriya va hududlardan olingan natijalarni standart genetik hudud orqali taqqoslash; biologik xilma-xillik inventarizatsiyasini takomillashtirish. Bu imkoniyatlar an’anaviy ixtiologik kuzatuvlarni yanada ishonchli qilishi mumkin.

Cheklovlar qatoriga sifatli referens ketma-ketliklar yetishmasligi, noto‘g‘ri aniqlangan ma’lumotlarning bazaga kiritilishi, laboratoriya kontaminatsiyasi, ayrim turlarda COI bo‘yicha yetarli farq bo‘lmasligi va moliyaviy-texnik xarajatlar kiradi. Bundan tashqari, DNK-barkodlashning o‘zi populyatsiyaning ekologik holati yoki genetik xilma-xilligini to‘liq tavsiflamaydi; bunday savollar uchun maxsus markerlar va qo‘shimcha tahlillar talab etiladi.

7. Muhokama va amaliy tavsiyalar

Ixtiologiya va biotexnologiyani uyg‘unlashtirish uchun eng samarali yondashuv — morfologik aniqlash, molekulyar identifikatsiya va ekologik ma’lumotlarni birgalikda tahlil qilishdir. Har bir namuna uchun yig‘ilgan sana, suv havzasi, koordinata, o‘lcham va morfologik tavsif saqlansa, molekulyar natijalarni qayta tekshirish osonlashadi. Ketma-ketlikni ommaviy bazaga yuborishda namuna identifikatori, voucher saqlanadigan muassasa va metodik ma’lumotlar to‘liq bo‘lishi kerak.

O‘zbekiston sharoitida kelgusidagi ishlar uchun mahalliy suv havzalarini qamrab olgan namuna tarmog‘ini yaratish, kam o‘rganilgan taksonlarni tekshirish, COI ma’lumotlarini morfologik belgilar bilan taqqoslash va bahsli identifikatsiyalarni qo‘shimcha markerlar yordamida aniqlashtirish tavsiya etiladi. Bu yo‘nalishlar kelgusida populyatsion genetika, ekologik monitoring va baliq resurslarini muhofaza qilish tadqiqotlariga ham asos bo‘lishi mumkin.

8. Xulosa

DNK-barkodlash chuchuk suv baliqlarini tur darajasida identifikatsiyalashda ixtiologiya va molekulyar biotexnologiyani bog‘lovchi samarali vositadir. COI geniga asoslangan yondashuv morfologik aniqlashni to‘ldiradi, biologik xilma-xillikni hujjatlashtirishni takomillashtiradi va mintaqaviy referens bazalarni shakllantirishga yordam beradi. O‘zbekiston baliqlari bo‘yicha e’lon qilingan natijalar usulning mahalliy ilm-fan uchun dolzarbligini ko‘rsatadi. Shu bilan birga, xulosalar referens ma’lumotlarning sifati va taksonomik tekshiruvga bog‘liq. Eng ishonchli natija molekulyar ma’lumotlarni morfologik, ekologik va zarur bo‘lganda qo‘shimcha genetik dalillar bilan integratsiyalash orqali olinadi.

FOYDALANILGAN ADABIYOTLAR

1. Modeel, S., Joshi, B. D., Yadav, A., Negi, T., & Negi, R. K. (2025). DNA-based identification of fishes: A review of barcoding methods and their efficiency assessment. Iranian Journal of Ichthyology, 12(1), 66–89. https://doi.org/10.22034/iji.v12i1.1014
2. Elías-Gutiérrez, M., & Valdez-Moreno, M. (2023). Relevance of DNA barcodes for biomonitoring of freshwater animals. Frontiers in Environmental Science, 11, 1057653. https://doi.org/10.3389/fenvs.2023.1057653
3. Sheraliev, B., & Peng, Z. (2021). Molecular diversity of Uzbekistan’s fishes assessed with DNA barcoding. Scientific Reports, 11, 16894. https://doi.org/10.1038/s41598-021-96487-1
4. Iyiola, A. O. et al. (2018). DNA barcoding of economically important freshwater fish species from north-central Nigeria uncovers cryptic diversity. Ecology and Evolution, 8(14), 6932–6951. https://doi.org/10.1002/ece3.4210
5. Lakra, W. S. et al. (2016). DNA barcoding Indian freshwater fishes. Mitochondrial DNA Part A, 27(6), 4510–4517. https://doi.org/10.3109/19401736.2015.1101540