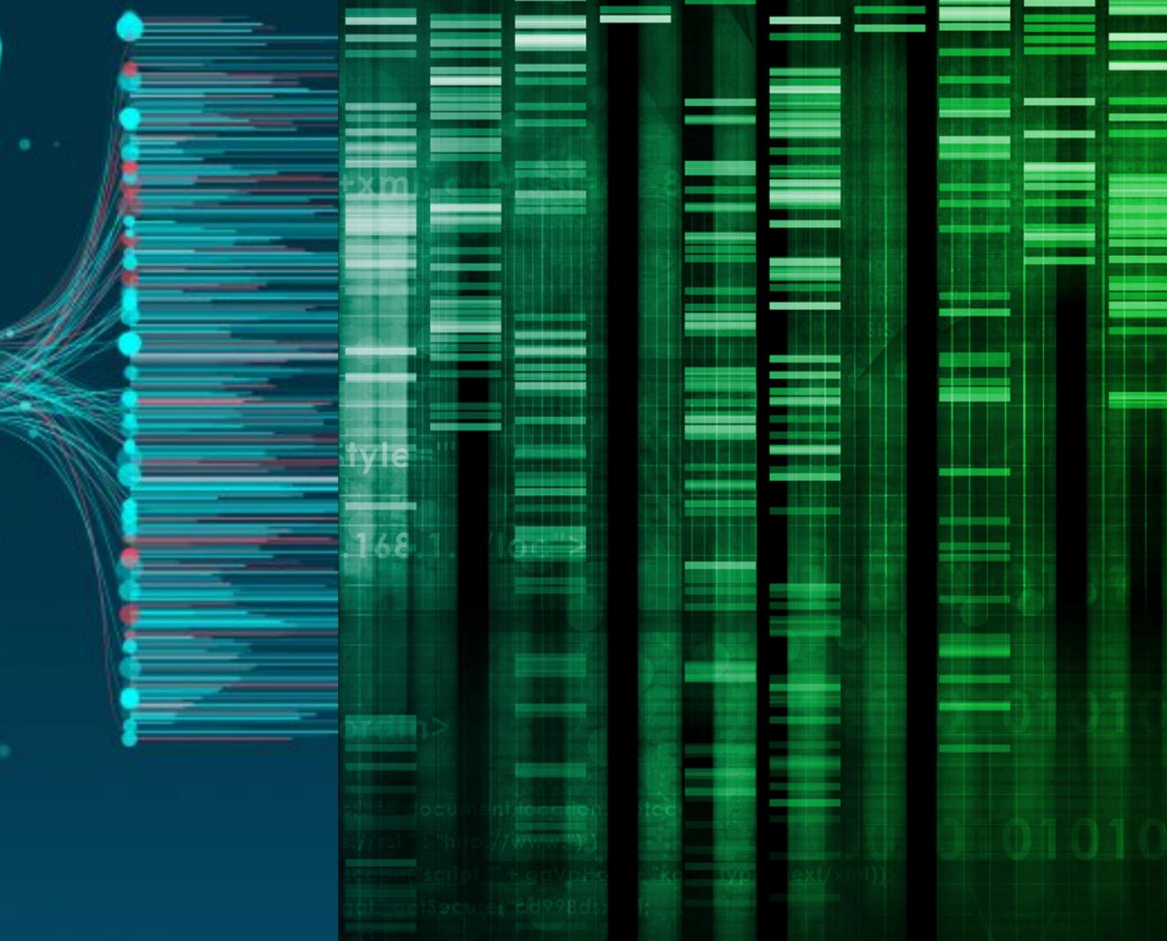


# ГЕНЕТИКА, ГЕНОМИКА ВА БИОТЕХНОЛОГИЯНИНГ ЗАМОНАВИЙ МУАММОЛАРИ

Ўзбекистон Республикаси Фанлар Академиясининг **80** йиллигига  
бағишланади  
Республика илмий анжумани **18** май **2023** йил



## СОВРЕМЕННЫЕ ПРОБЛЕМЫ ГЕНЕТИКИ, ГЕНОМИКИ И БИОТЕХНОЛОГИИ

Посвящается **80**-летию Академии наук Республики Узбекистан

Республиканская научная конференция **18** мая **2023** года

Ташкент – **2023**



**ЎЗБЕКИСТОН РЕСПУБЛИКАСИ ФАНЛАР АКАДЕМИЯСИ  
ГЕНОМИКА ВА БИОИНФОРМАТИКА МАРКАЗИ**

**ГЕНЕТИКА, ГЕНОМИКА ВА  
БИОТЕХНОЛОГИЯНИНГ ЗАМОНАВИЙ  
МУАММОЛАРИ**

**РЕСПУБЛИКА ИЛМИЙ АНЖУМАНИНИНГ ТЕЗИСЛАР  
ТЎПЛАМИ**

*Ўзбекистон Республикаси Фанлар Академиясининг 80 йиллигига  
бағишланади*

**18 май 2023 йил**

**\*\*\***

**АКАДЕМИЯ НАУК РЕСПУБЛИКИ УЗБЕКИСТАН  
ЦЕНТР ГЕНОМИКИ И БИОИНФОРМАТИКИ**

**СБОРНИК ТЕЗИСОВ  
РЕСПУБЛИКАНСКОЙ НАУЧНОЙ КОНФЕРЕНЦИИ**

**СОВРЕМЕННЫЕ ПРОБЛЕМЫ ГЕНЕТИКИ,  
ГЕНОМИКИ И БИОТЕХНОЛОГИИ**

*Посвящается 80-летию Академии наук Республики Узбекистан*

**18 мая 2023 года**

**Ташкент – 2023 год**

## **Организационный комитет:**

Буриев З.Т. - Председатель оргкомитета.

Шерматов Ш.Э. - член оргкомитета

Аюбов М.С. - член оргкомитета

Имамходжаева А.С. - член оргкомитета

Камбурова В.С. - член оргкомитета

Убайдуллаева Х.А. - член оргкомитета

Макамов А.Х. - член оргкомитета

Дарманов М.М. - член оргкомитета

Салахутдинов И.Б. - член оргкомитета

Авазматов Т.К. - член оргкомитета

Юсупов А. - член оргкомитета

## **Редакционная коллегия:**

Аюбов М.С. Председатель Зам. дир по наук, PhD

Камбурова В.С. зав. лаб., к.б.н.

Салахутдинов И.Б. зав. лаб., к.б.н.

Шерматов Ш.Э. Ученый секретарь, к.б.н.

Имамходжаева А.С. Зав. лаб., к.б.н.

Убайдуллаева Х.А. Зав. лаб., д.б.н.

Дарманов М.М. Начальник отдела, PhD

Макамов А.Х. Зав. лаб., PhD

Сборник утвержден в печать решением Ученого совета Центра (протокол № 4 от 12 апреля 2023 года).

Центр геномики и биоинформатики АН РУз, 2023 г.

VIII Республиканская научная конференция «Современные проблемы генетики, геномики и биотехнологии» посвящена 80-летию Академии наук Республики Узбекистан. Данный сборник тезисов подготовлен Центром геномики и биоинформатики АН РУз. В нем содержатся материалы, отражающие современные направления научных исследований в области геномики, протеомики, биотехнологии, биоинформатики, генетики растений, животных, микроорганизмов и человека, проводимые как в научных учреждениях республики, так и за рубежом.

Тематика представленных на конференцию работ охватывают широкий спектр современных проблем, связанных с развитием геномики, генетики и биотехнологии в связи с ростом экономики республики. Тематические направления конференции вызвали интерес у широкой аудитории, среди которых были как отечественные, так и зарубежные ученые.

Работы участников, носящие как фундаментальный, так и научно-прикладной характер, и содержащие ценные обобщения, выводы, количественные и качественные оценки, призваны способствовать поиску ответов на проблемы, которые ставит жизнь.

В сборнике представлено более 120 работ, выполненных в научно-исследовательских и образовательных учреждениях как внутри нашей республики, так и за ее пределами (например, Республики Беларусь, Российской Федерации и Украины). Редакция сборника выражает благодарность всем авторам, предоставившим свои научные труды. Конференция позволит расширить кругозор молодых исследователей, познакомит их с новейшими разработками в различных областях молекулярной биологии и медицины, и будет способствовать установлению новых связей и возможностей для сотрудничества. Это поможет научной молодежи продуктивно работать, реализовывать свой творческий потенциал, наполняться новыми идеями.

***Редакционная коллегия***

## ВСТУПЛЕНИЕ

В современном мире состояние развития биологических наук, а в частности геномики и биотехнологии, является своеобразным показателем уровня развития страны. Они являются одними из главных движущих сил развития медицины, фармацевтики и сельского хозяйства в экономически развитых странах мира. Вложение больших финансовых средств в эти направления науки и создание оптимальных условий для их развития привели к разработке уникальных технологий, которые были успешно патентованы и коммерциализированы. До настоящего времени созданы сотни сортов генетически модифицированных сельхозкультур, некоторые из которых широко культивируются по всему миру. Исследования показывают, что генно-инженерные технологии повысили оперативную урожайность сельхозкультур за счет повышения устойчивости к различным биотическим и абиотическим факторам окружающей среды. Так как проблема повышения урожайности культур все еще сохраняется, это мотивирует ученых всего мира на создание «инновационной биотехнологии нового поколения», которые позволят решить данную проблему. В Узбекистане имеется богатое генетическое разнообразие лекарственных растений и плодовых культур. Кроме того, страна обладает огромным потенциалом в области сельского хозяйства. Это создает уникальную возможность занять достойное место на рынке продуктов современной науки. Кроме того, для устойчивого развития сельского хозяйства и других отраслей экономики, а также своевременного и эффективного решения проблемы обеспечения населения достаточным продовольствием и продуктами здравоохранения, необходимо активно развивать геномные исследования и применять новые технологии в данном направлении. За прошедшие годы в Центре Геномики и биоинформатики АН РУз создана современная материально-техническая инфраструктура для проведения исследований в области геномики, протеомики, метаболомики,



биоинформатики и биотехнологии на уровне мировой науки. Созданное при Центре Специальное семеноводческое хозяйство позволяет на месте проводить испытания новых биотехнологических сортов сельхозкультур и размножать их семена в целях коммерциализации.

Материалы предыдущих конференций свидетельствуют об интеграции одних научных дисциплин в другие, объединение молекулярной биологии и медицины, биологии и информатики (моделирования), систематики на базе последних достижений геномики. Применение современных достижений науки позволяют искать новые, инновационные способы решения проблем, поднятых производством, сельских хозяйством и медициной.



## I. ГЕНОМИКА, ПРОТЕОМИКА И БИОИНФОРМАТИКА

### EXPRESSION OF RECOMBINANT PURINE NUCLEOSIDE PHOSPHORYLASE IN THE *PICHA PASTORIS*

Abdurakhmanov J., Sasmakov S., Khasanov Sh., Ashirov O., Sadullaev T., Nasriddinov Kh., Boymirzaev A., Eshboev F., Dolimov Kh., Yarilkaganova A., Gaynazarova S., Azimova Sh.

S.Yu. Yunusov Institute of the Chemistry of Plant Substances  
genlab\_icps@yahoo.com

Purine nucleoside phosphorylase (PNP E.C. 2.4.2.1.) is an enzyme that plays a crucial role in the metabolism of purine nucleosides, which are the building blocks of DNA and RNA. The enzyme catalyzes the conversion of purine nucleosides to their corresponding purine bases and ribose- or deoxyribose-1-phosphate. PNP is involved in the conversion of inosine to hypoxanthine and guanosine to guanine. PNP plays a critical role in the production of modified nucleosides by enzymatic catalysis for convert them into their corresponding purine bases or active forms, which can have therapeutic applications in the treatment of cancer and have antiviral activities. Modified nucleosides are heterocyclic nitrogenous bases of natural or synthetic origin containing monosaccharides - cyclic pentose. Modified nucleosides (or nucleoside analogues) are used for the treatment of viral diseases and certain forms of cancer (Molnupiravir - SARS-CoV-2, Tenofovir - HIV, HBV, Sofosbuvir - HCV, Fludara, Cladribine - leukemia of various etiologies etc.).

In the present, bacterial glycosyltransferases catalyzing the transfer of a pentofuranose group to purine bases are successfully used in the synthesis of various natural nucleoside analogues (modified nucleosides) of biological and pharmaceutical importance. Currently, one of the advanced expression systems that allow obtaining recombinant proteins on an industrial scale is the yeast system of *Pichia pastoris*. The accumulation of significant biomass during cultivation on inexpensive nutrient media,





the absence of endotoxins and pyrogens, a higher level of recombinant protein synthesis compared to other expression systems are the advantages of *Pichia pastoris* yeast. Based on this, the aim of this work is the expression of *Escherichia coli* purine nucleoside phosphorylase (PNP) in the *Pichia pastoris* yeast.

To induce recombinant purine nucleoside phosphorylase expression, *Pichia pastoris* GS115 transformants were inoculated in BMGY medium at 29°C with vigorous shaking (220 rpm), and then transferred to BMMY and incubated at 29°C with vigorous shaking (220 rpm) up to 96 hours in 250 ml baffled flasks. Methanol (0.5-1.5%, v/v) was supplied to the culture medium once a day. After destroying the yeast cells by high pressure homogenizer in every 24 hours, homogenate was cooled to 15°C immediately in a water-ice bath. The yeast culture liquid medium was added to the homogenate. Samples were taken from the mixture and Fluorometric assay was performed to study the expression level of the recombinant enzyme. During the study, we observed the highest expression level of recombinant purine nucleoside phosphorylase at the 72nd hour of cultivation when adding 0.5% and 1.0% methanol to the medium every 24 hours. The difference between these two results does not justify the cost of methanol. In this regard, we found that the 0.5% methanol (every 24 hours) and the 72 hours of cultivation are the optimal conditions for the expression of the recombinant PNP in *Pichia pastoris*.



## **СЕКВЕНИРОВАНИЕ АМПЛИКОНОВ SARS-COV-2 ГЕНОМОВ ОТ УЗБЕКСКИХ ПАЦИЕНТОВ ВЫЯВИЛО НОВЫЕ МУТАЦИИ**

Аюбов М.С., Буриев З.Т., Юсупов А.Н., Мирзахмедов М.Х., Носиров Б.В.,  
Мамажонов Б.О., Обидов Н.Ш., Баширхонов З.Х., Мродов А.А., Камалова Л.Х.,  
Абдурахмонов И.Ю., Абдукаримов А.

Центр геномики и биоинформатики mirzoayubov@gmail.com

После того, как в 2019 году в Ухане была обнаружена первая вариация, геномы коронавируса быстро меняются, что со временем приводит к появлению новых штаммов. Полное секвенирование генома генотипов SARS-CoV-2 (тяжелый острый респираторный синдром, коронавирус 2) требуется на регулярной основе. Поскольку существует множество различных способов диагностики, лечения и профилактики этого вируса, секвенирование генома оказалось очень полезным в борьбе с ним. Для этого мы получили 17 высококачественных полногеномных последовательностей от 48 пациентов носителей SARS-CoV-2 с положительными результатами ПЦР в городе Ташкенте, Узбекистан. В кодирующих участках геномов секвенированных образцов обнаружен полиморфизм нуклеотидов, в том числе несинонимичные (миссенс) и синонимичные мутации. Филогенетический анализ поместил все последовательности всего генома в клад G (или подветвь GK).

Всего было обнаружено 134 мутации, из которых 69 уникальных и 65 общих. Нуклеотидные изменения представлены 84 миссенс-мутациями, 39 синонимичными мутациями, 4 мутациями вышестоящей области, 1 мутацией сдвига рамки считывания, 1 консервативной и разрушительной делецией внутри рамки считывания и 4 мутациями нижестоящей области в совокупности. Кроме того, инструменты биоинформатики использовались для изучения изменений аминокислот в S-области. Опубликованные данные о последовательности представляют собой данные о геномной последовательности коронавируса от



узбекских пациентов, аналогичные нашим ранним последовательностям генома. Эта информация должна принести пользу глобальной базе данных последовательностей коронавируса, а также упростить будущие сравнительные исследования. Съедобная вакцина против Covid-19, TomaVac, была разработана с помощью этих секвенированных геномных данных о генотипах коронавируса.

## **ЭКСПРЕССИЯ ГЕНОВ КОМПОНЕНТОВ ТЕЛОМЕРАЗНОГО КОМПЛЕКСА КРЫСЫ**

Якубов И.Т., Бердиева Л.О.

Национальный Университет Узбекистана имени Мирзо Улугбека  
iskandar2014a@gmail.com

Канонические ДНК-полимеразы, участвующие в репликации генома, неспособны полностью воспроизвести физические концы линейных хромосом, называемые теломерами. Таким образом, хромосомные концы укорачиваются в каждом клеточном цикле.

Для поддержания теломер требуется теломераза — специфический РНК-зависимый ферментный комплекс ДНК-полимеразы, который несет свою собственную матрицу РНК и добавляет теломерные повторы к концам хромосом, используя механизм обратной транскрипции. Обе основные субъединицы теломеразы — каталитическая теломеразная обратная транскриптаза (TERT) и компонент теломеразной РНК (TR) — были идентифицированы в различных организмах, включая дрожжи, млекопитающих, птиц, рептилий и рыб. Несмотря на то, что теломеразная активность у растений была описана 25 лет назад, а субъединица TERT — четыре года спустя, настоящий растительный TR был идентифицирован лишь недавно [1].

Большинство типов первичного рака проявляют активацию теломеразы, которая обеспечивает неконтролируемую пролиферацию клеток. Предыдущие



исследования показывают, что активация TERT также влияет на развитие рака за счет активности, отличной от канонической функции опосредования удлинения теломер [2-3].

Недавние исследования улучшили понимание структуры и функции теломер и теломеразы, а также ключевых механизмов, лежащих в основе активации TERT, и ее роли в онкогенезе. Эти достижения привели к поиску препаратов, ингибирующих теломеразу, в качестве мишени для лечения рака.

Целью настоящей работы была изучение экспрессии генов компонентов теломеразного комплекса крысы.

База данных транскриптом желудка крысы (база данных Национального центра биотехнологической информации (NCBI) Gene Expression Omnibus получали под номерами доступа GPL1439, GSM30415, GSM30416, GSM30417, GSE3518, GSM80287, GSM80288). В работе база данных использованы для оценки уровней экспрессия генов, а также соотношение уровней, очищенных и общих эпителиальных клетках желудка крысы. Биоинформатический анализ транскриптом различных органов крысы, очищенных париетальных и ECL клеток, проводили с помощью программы GeneSpring и Excel 2013. Данные о нуклеотидной последовательности и аминокислотной последовательности белка, а также о доменах исследуемых белков были получены с сайта NCBI. Последовательности ферментов человека, мыши и крысы сравнивали с использованием программного пакета BLAST (Basic Local Alignment Search Tool).

Ранее с помощью метода олигонуклеотид микрочип анализа желудка крысы был обнаружен, что в транскриптоме желудка содержится транскрипты компонентов теломеразного комплекса. Сравнение экспрессии генов этих компонентов в различных органах крысы, в частности, желудке, сердце и 12-ти



перстном кишке показало, что наивысшие уровни экспрессии генов в желдке показали Nop10p (Nucleolar protein family A, member 3), dyskerin (Dkc1), RAS related protein 1b (Rap1b) и telomerase associated protein 1 (Tep1). Интенсивность этих транскриптов составили  $18766 \pm 2165$ ,  $11857 \pm 1315$ ,  $14089 \pm 2082$  и  $9349 \pm 1017$ , соответственно. Для этих генов в других органах имеются несущественные различия в экспрессии генов. Наименьшее уровни экспрессии наблюдается в similar to POT1-like telomere end-binding protein; protection of telomeres 1 и telomerase catalytic subunit mRNA, partial cds ( $530 \pm 41$  и  $528 \pm 77$ ), соответственно.

Полученные результаты транскриптов теломеразного комплекса теломеры с помощью олигонуклеотид микрочип анализа будут подтверждены проведением количественной полимеразной цепной реакции.

Дальнейшие исследования экспрессии белков в различных органах позволяет выяснить функции этих белков в нормальных и патологических процессах, протекающих в желудочно-кишечном тракте.

## **OROLNING QURIGAN TUBIDA BIOTEKNOLOGIK G'O'ZA LINIYALARINI YETISHTIRISH VA ULARNING MUHIM AGRONOMIK BELGILARINI BAHOLASH**

Ayubov M.S., Mamajonov B.O., Abdukarimov Sh., Obidov N.Sh., Murodov A.A.,  
Bashirxonov Z.H., Yusupov A.N., Bo'riev Z.T., Abdukarimov A., Abduraxmonov  
I.Y.

Genomika va bioinformatika markazi  
mirzo.ayubov@gmail.com

Ma'lumki, Orol dengizi XIX asrning o'rtalariga kelib, uning havzasiga suv yetkazib beruvchi ikki daryodan qishloq xo'jaligi uchun keng foydalana boshlagandan buyon quriy boshladi. Uning oqibati esa, XX asrning oxirlarida Orolning deyarli 90% maydonini qurishi bilan namoyon bo'ldi. Baxtga qarshi dengiz qurishi hali ham davom



etmoqda. Ulkan dengizning qurishi bilan undagi o'simlik va hayvonot dunyosi ham keskin o'zgarib bordi. Ayniqsa, million gektarlarni egallagan bu maydonlarning ko'p qismini hozirgi kunda ko'chma qum va tuz maydonlari desak, mubolag'a bo'lmaydi. Bu esa, Orol dengizi atrofida yashovchi aholi salomatligi va qishloq xo'jaligiga kata miqdorda zarar yetkazmoqda.

Ushbu muammolarni hal qilish maqsadida, O'zbekiston hukumati ilmiy tadqiqotlar uchun har yili yirik miqdorda mablag' ajratib kelmoqda. Qolaversa, ko'plab Insonlar salomatligiga hayrixoh tashkilotlarning moliyaviy ko'magi jalb qilinmoqda. Innovatsion rivojlanish vazrligi ham har yili ko'plab tadqiqot loyihalarini moliyalashtirib kelmoqda. Ushbu loyihalar qatorida "Orolning qurigan tubida biotexnologik qishloq xo'jaligi ekinlarini yetishtirish" bo'yicha ham ishlar olib borilmoqda. Genomika va bioinformatika markazi xodimlari tomonidan RNK interferensiya usulida olingan sho'rhoklik va qurg'oqchilikka chidamli deb baholangan qator g'o'za liniyalari ham Orolning qurigan tubiga ekildi va o'simliklardagi morfo-biologik xususiyatlar kuzatib borildi. Bunda, har bir liniyalar va nazorat o'zimliklari uch takrorda ekilgan bo'lib, yig'ilgan ma'lumotlar statistik tahlil qilindi. Unga ko'ra, o'simliklarning unuvchanligi, barglari soni, poya balandligi, hosil elementlari soni va hosildorligi asosiy kuzatuv parameterlari etib belgilandi. Shuningdek, stress sharoitida tola sifat ko'rsatkichlaridagi o'zgarishlarni ham tekshirildi.

Natijalarga ko'ra, qurg'oqchil va sho'rhok muhitda bo'lishiga qaramasdan, RNKi o'simliklarining barcha muhim agronomik belgilari nazorat o'simliklariga nisbatan ijobiy ekanligi aniqlandi. 2022 yilda yig'ishtirib olingan hosilning chigitlari 2023 yilda yana qayta ekildi. Hozirda, dala tadqiqotlari davom etmoqda.



## АННОТАЦИЯ КАНДИДАТНЫХ ЛОКУСОВ, СВЯЗАННЫХ С СИНТЕЗОМ СУБЕРИНА В ХЛОПЧАТНИКЕ (*G. HIRSUTUM*)

Шерматов Ш.Э., Усманов Д.Э., Мирзахмедов М.Х., Буриев З.Т., Абдурахмонов И.Ю.

Центр Геномики и биоинформатики АН РУз  
sshernatov@genomics.uz

Углекислый газ (CO<sub>2</sub>), выбросы которого резко увеличились в последние 100 лет из-за сжигания ископаемого топлива является главным фактором развития глобального потепления климата. С целью сокращения углекислого газа в атмосфере Земли путем их вылавливания предлагается создание генотипов хлопчатника, способных синтезировать больше суберина в корневых тканях растений и таким образом хранить больше углерода под землей. Для исследования был отобран ген *ESBI* арабидопсиса, который участвует в регуляции синтеза суберина, а данном растении. Был проведен поиск в базе данных GenBank нуклеотидных последовательностей хлопчатника, имеющих гомологию с геном суберина арабидопсиса. Из базы данных GenBank были извлечены три локуса (LOC107897775, LOC107903001, LOC107949965), которые имели высокую степень гомологии к данному гену. Все эти локусы отвечали за синтез класса диригентных белков: *Gossypium hirsutum* dirigent protein 25-like (LOC107897775 и LOC107903001) и *Gossypium hirsutum* dirigent protein 24-like (LOC107949965). Поиск в базе данных UniProt показал, что эти белки участвуют в таком биологическом процессе как биосинтез фенилпропаноидов, из которых образуются фенольные и алифатические соединения, входящие в состав суберина. Кроме того, помимо множества клеточных процессов эти белки связаны с реакцией растений на биотические и абиотические стрессы. Также проведен анализ взаимодействия белковых последовательностей в базе данных STRING (Search Tool for the Retrieval of Interacting Genes/Proteins). Анализ



показал взаимодействие белка dirigent protein 25-like с такими белками как uncharacterized protein LOC107908367, Actin-related protein 2-like, Actin-related protein 2, OTU domain-containing protein 5-like, OTU domain-containing protein 5-B-like. В то же время для dirigent protein 24-like не были обнаружены данные о взаимодействии с другими белками. Анализ коэспрессии показал, что в хлопчатнике dirigent protein 25-like не имеет корреляции по экспрессии ни с одним белком, в то время как у *Populus trichocarpa* (Тополь волосистоплодный) имелась корреляция между dirigent protein 25-like и uncharacterized protein LOC107908367. Таким образом, учитывая важную роль диригентных белков в синтезе суберина и их участие в ответе на стрессы необходимо проведение дальнейших экспериментальных исследований, что поможет детально характеризовать их функцию в хлопчатнике.

## **БУҒДОЙНИНГ ГЕНЕТИК ХИЛМА-ХИЛЛИГИНИ МОЛЕКУЛЯР МАРКЕРЛАР АСОСИДА ЎРГАНИШ**

Ж.К. Норбеков, Ф.Н. Кушанов, Хусенов Н.Н., Бойқобилов У.А., Нормаматов  
И.С., Хошимов С.Қ., Макамов А.Х.,

Геномика ва биоинформатика маркази

Буғдой дони дунё аҳолисининг учдан бир қисми кундалик истеъмол қиладиган асосий озиқ-овқат маҳсулотларидан бири ҳисобланади. Шу сабабдан уни молекуляр даражада ўргани орқали тезда ва ишончли натижага эришиш мумкин. Мамлакатимизда буғдой селекцияси билан шуғулланувчи олимлар томонидан яратилган буғдой навларининг ҳалқаро миқёсдаги муаллифик ҳуқуқини тасдиқлаш ва уни ҳимоя қилишда навларнинг генетик паспортини яратиш жуда муҳим ҳисобланади.

Бироқ, ҳозирги кунга қадар Ўзбекистон қишлоқ хўжалиги экинлари селекциясида фақатгина ғўза навларининг ДНК-паспорти ишлаб чиқилган. Ушбу





усулни бутун қишлоқ хўжалиги экинларига жорий қилиш мақсадидабир қатор тадқиқотлар йўлга қўйилган. Хусусан, буғдой ўсимлигида ҳам генетик хилма-хилликни аниқлаш, навларнинг ўзаро филогенетик муносабатларини ўрганиш ДНК-баркодолаш бўйича илмий изланишлар олиб борилмоқда. Ушбу тадқиқотда маҳаллий буғдой навларининг SSR-маркерлар ёрдамида идентификация қилиш ва уларнинг генетик паспортини ишлаб чиқиш учун 32 та (Чиллаки, Ёнбош, Жайхун, Тезпишар, Истиқлол-6, Хисорак, Шамс, Хазрати Башир, Давр, Оқбуғдой, Аср, Ғазфон, Андижон-1, Яксарт, Санзор-6, Муфтало, Омад, Бахмал-97, Дўстлик, Азиз, Туркистон, Барака, Навбахор, Бунёдкор, Дурдона, Ёғду, Андижон-4, Шодлик, Андижон-2, Бобур, Еломон ва Фаровон) буғдой навлари танлаб олинди. Маҳаллий буғдой навларининг наводорлик хусусияти, морфо-биологик ва сифат кўрсаткичларини ўрганиш мақсадида, мазкур нав намуналари икки йил давомида Геномика ва биоинформатика марказининг дала тажриба майдонига экиб тадқиқ қилинди. Кузатув натижаларига кўра, танланган буғдой навлар ўртасидаги хилма-хиллик юқори ва ушбу навлар йиллар нисбати бўйича барқарор ҳолатда эканлиги аниқланди. Молекуляр тадқиқотлар маркерларга асосланган селекция лабораториясида амалга оширилди. Тадқиқот учун танланган намуналар ўртасидаги генетик полиморфизмни аниқлаш мақсадида SSR-маркерлар тўпламидан 144 жуфт праймерлари иштирокида ПЗР-таҳлиллари амалга оширилди ва юқори полиморфизмга эга маркерлардан фойдаланиб генотиплаш ишлар амалга оширилди. Олинган генотипик маълумотлар асосида уларнинг генетик хилма-хиллиги ўрганилди.

Ушбу тадқиқотда буғдой навларини туричи даражасида молекуляр баҳолашда PIC (полиморфизм ахборот таркиби, *ингл.* Polymorphic information content) ҳамда HE (гетерозиготалик) ўлчови ва NE (number of effective alleles) каби шу билан боғлиқ баъзи қийматлари аниқланди.



Полиморфизм намоён этган маркерлар 2 тадан 12 тагача бўлган аллелларни амплификация этганлиги аниқланди. Хусусан, энг кўп аллель амплификацияси WMC522 маркериди (12 та) ва энг кам эса BARC187 маркериди (2 та) кузатилди. SSR-маркерларнинг PIC қиймати 0,22 (WMS18) дан 0,85 (BARS181) гача кузатилиб, барча маркерлар учун уларнинг ўртача қиймати 0,51 ни ташкил этди. Ўз навбатида, тадқиқот намуналари ўртасидаги генетик хилма-хилликни баҳолашда маркерларнинг *He* қиймати ҳам аниқланди. Унга кўра маркерларнинг *He* қиймати 0,12 (BARC187) ва 0,86 (BARS181) оралиғида бўлиб, ўртача 0,57 га тенг бўлди. Танланган маркерларнинг NE (самарали аллеллар сони) энг керакли кўрсаткичлардан бўлиб, ушбу кўрсаткичда буғдой навларидаги бир-биридан фарқини очиб беришини таъминлайди. Бунда маркерларнинг самарали аллеллар сони 3 дан юқори бўлса навлар ўртасидаги генетик хилма-хилликни таъминлайди.

Ушбу тадқиқотда маҳаллий буғдой намуналарининг ўзаро генетик полиморфизми маълумотларидан асосида уларнинг генетик қариндошлик даражаси (филогенетик шажараси) тузилиб, навларнинг филогенетик дарахтдаги жойлашув ўрни аниқланди.

Генотипик маълумотлар асосида буғдой навларининг филогенетик муносабатлари таҳлил қилинганда, улар 2 та асосий гуруҳга бўлинганлиги кузатилди. Биринчи ва иккинчи асосий гуруҳдан 16 тадан навлар жой олди. Бу икки асосий гуруҳ ҳам ўз навбатида кичик суб-гуруҳларга бўлинди. Кичик суб-гуруҳлардаги навлар морфологик жиҳатдан ўхашаш, занг касалликларига ўртача чидамли бўлган, икки фаслли, асосан лалмикор ерларга экишга мўлжалланган, Санзар-6 ҳамда Бахмал-97 навлари ўртасидаги муносабат генетик жиҳатдан ҳам бир-бирига яқин бўлиб, қардошлик даражаси бошқа навларга нисбатан бир-бирига яқин жойлашганлиги аниқланди. Буғдой навлари ўртасидаги



қариндошлик қиймати уларни боғловчи шоҳлар асосида белгиланади. Бундан ташқари, келиб чиқиши бир ота-онага мансуб бўлган Яксарт, Туркистон ва Хисорак навлари асосий бир гуруҳда бўлсада, субгуруҳларда ажралганлигини кўриш мумкин. Бунинг асосий сабаблардан бири танланган ота-она намуналари гетерозигота ҳолатида бўлмаганлиги билан ёки ушбу навларда мутация таъсирида генетик ўзгаришлар бўлганлиги билан изоҳлаш мумкин.

## **GENOM TAHRIRLASH USULI ORQALI MAKKAJO'XORINING QURG'OQCHILIKKA CHIDAMLI LINIYALRINI OLISH**

Mirzakhmedov M.Kh<sup>1,2</sup>., Ayubov M.S<sup>1</sup>., Normurodova Q.T<sup>2</sup>., Obidov N.Sh<sup>1</sup>., Khusanbaeva Sh.R<sup>1,3</sup>., Abdugafforov A.T<sup>1</sup>., Buriev Z.T<sup>1</sup>., Abdurakhmonov I.Y<sup>1</sup>

<sup>1</sup>O'zR FA, Genomika va Bioinformatika Markazi

<sup>2</sup>O'zbekiston Milliy Universiteti, Biologiya fakulteti

<sup>3</sup>Toshkent Davlat Agrar Universiteti

mirzakhmedov.m@gmail.com

Birlashgan millatlar tashkilotining taraqqiyot dasturi hisobotiga ko'ra, O'zbekistonda yarim milliondan ortiq odam 2000, 2001 hamda 2008 yillarda sodir bo'lgan kuchli qurg'oqchilikdan aziyat chekkan, ayrim hududlarda bir qancha suv havzalarining qurib ketishiga, hatto ichimlik suvi yetishmasligiga olib keldi. Yer yuzida ichimlik suvini asosiy istemolchisi qishloq xo'jaligi hisoblanadi. Qurg'oqchilik o'simliklarning o'sishi va rivojlanishini cheklovchi asosiy abotik omil bo'lib, hosilning kamayishiga yoki hosilning to'la boy berishga olib keladi. O'simliklar tabiiy ravishda qurg'oqchilikka turli usullar yordamida kurashadi: qochish - hayot sikli yetarlicha suv mavjud bo'lganda boshlanadi va tugaydi; moslashish - suv mavjudligiga qarab uning o'sishi va uyqu holatini nazorat qilish; bardoshlilik - yaxshilangan ildiz tizimi va kichik barglar hisobiga kuchli qurg'oqchilik sharoitida ham o'sishni saqlab qolish uchun transpiratsiyani cheklash; qarshilik ko'rsatish – eng muhim holatlardagina foydalanish



uchun barglarda suv to'plash. Bu strategiyalar asosan yovvoyi o'simliklar tomonidan qo'llaniladi. Iqtisodiy ahamiyatga ega madaniy ekinlar yuqoridagi morfologik xususiyatlarni qisman namoyon qiladi va odatda abiotik va biotik stresslarga nisbatan chidamsizdir. Shunday qilib, qurg'oqchilikka chidamli navlarni olish har qachongidan ham muhim bo'lib bormoqda. Abiotik stresslarga, shu jumladan qurg'oqchilikka chidamlilik turli gen/gen oilalari tomonidan tartibga solinadigan murakkab jarayondir. Hozirgacha bir nechta genlar va transkripsiya omillarining qurg'oqchilikka chidamliligi model organizmlarda xususan, *Arabidopsis thaliana* da o'rganilgan. Ushbu nomzod genlar orasida biz makkajo'xorida ortolog bo'lgan va makkajo'xori (*Zea mays*) da eng yuqori o'xshashlikni tanladik. Bir necha gRNK (guide RNA – yo'llovchi RNK) nomzod genini nokaut qilish uchun bir nechta web dasturlar yordamida saralab olindi. Hozirgi vaqtda makkajo'xori A188 liniyasi CRISPR Cas9 konstruktsiyalari bilan agrobakteriya yordamida transformatsiya jarayoni ostida. Yetilmagan embrionlar somatik embriogenez uchun o'simlik materiali sifatida ishlatilgan. regenerant o'simliklar olingandan so'ng, nazorat ostida issiqxonada dastlabki morfologik kuzatuv o'tkaziladi.

## **POST-GENOM TEXNOLOGIYALARI ASOSIDA SOYANI QURG'OQCHILIKKA CHIDAMLILIGINI OSHIRISH**

Yusupov A.N, Ayubov M.S, Mirzahmedov M.H, Xatamov D.G', Mamajonov  
B.O. Obidov N.Sh, Bashirxonov Z.H

Genomika va bioinformatika markazi  
yusupova0107@gmail.com

Qurg'oqchilik o'simliklarning o'sish va rivojlanishiga salbiy ta'sir ko'rsatuvchi abiotik stressdir. Global iqlim o'zgarishi sharoitida chuchuk suv resurslari qishloq xo'jaligi ehtiyojlarini qondirish uchun tobora kamayib bormoqda. O'simliklarda qurg'oqchilik umumiy gomeostazni saqlashga qaratilgan bir qator morfolo-fiziologik va molekulyar darajadagi o'zgarishlarga olib keladi. Bu o'zgarishlarning vujudga kelish



va boshqarilish mexanizmlarini tushunish, o'simliklarda qurg'oqchilikka chidamlilikni oshirishda muhim omil bo'lib hizmat qiladi.

Suv o'simliklarning o'sishi va rivojlanishi, hosil pishib yetilishi uchun eng zarur omillardan biridir. O'simlik tanasining yangi biomassasining taxminan 80-95% suvdan iborat bo'lib, u turli fiziologik jarayonlarda, metabolizmining ko'p jihatlarida muhim rol o'ynaydi. Hozirgi kunda dunyo aholisi sonining ortib borishi, suv resurslaridan noto'g'ri foydalanish, global iqlim o'zgarishi kabilar natijasida suvga bo'lgan talab tobora ortib borib, iste'mol va qishloq xo'jaligida foydalanish uchun chuchuk suvning taqchilligi muammosi kelib chiqmoqda. O'simliklarda suv taqchilligiga moslanish murakkab morfo-fiziologik, biokimyoviy jarayonlarni hamda molekulyar mexanizmlar va genetik tizimlarni o'z ichiga oladi. Bunda oqsil retseptorlari, kinazalar, transkripsiya omillari, effektorlar faoliyati bilan bir qatorda, signallarni uzatish uchun yetkazuvchi sifatida metabolitlarni ishlab chiqarish kabilar ham muhim rol o'ynaydi.

Soya (*Glycine max L.*) muhim dukkakli ekinlardan biri bo'lib, odamlar va chorva hayvonlar iste'moli uchun ko'p miqdorda yog' va oqsilga boy oziq-ovqat manbai hisoblanadi. Soya suvga talabchan o'simlik bo'lib, vegetatsiya davrining turli bosqichlarida suv tanqisligi kuzatilishi hosildorlikni keskin kamayishiga olib keladi.

Tadqiqotlarimiz natijasida bir qator qurg'ochilikka aloqador genlar o'rganildi. Ular orasidan ayrimlaridan foydalanangan xolda soyaning qurg'oqchilikka chidamliligini oshirish uchun genetik konstruksiyalar tuzildi. Xususan xylan O-acetyltransferase 1 (XOAT1) osmotik stresslar bilan aloqadorligi o'rganildi. Model o'simlik *Arabidopsis thaliana*ning XOAT1 mutantlarida transpiratsiya tezligi juda past va suvdan foydalanish samaradorligi yuqori ekanligi aniqladi. Yuqoridagilardan kelib chiqib soyaning qurg'oqchilikka chidamli liniyasini olish maqsadida XOAT1 nishon gen sifatida tanlab olinda va u asosida CRISPR/Cas9 konstruksiyasi tuzildi. Olingan



konstruksiya o'simlikka transformatsiya qilindi. Hozirda XOAT1 mutant o'simliklarida kuzarish va qurg'oqchilikka tekshirish ishlari olib borilmoqda.

## **G`O`ZA (*GOSSYPIUM HIRSUTUM*) LINIYALARI GEN EXPRESSIYASINI O`RGANISHDA ISHLATILADIGAN PRAYMERLER SAMARADORLIGINI BAHOLASH**

Bashirxonov Z.H., Ayubov M.S., Yusupov A.N., Mamajonov B.O., Obidov N.Sh., Murodov A.A., Kamalova L.X., G'ofurova S.F.

Genomika va bioinformatika markazi  
bashirxonovziyodulloxon@gmail.com

Gen ekspressiyasi genlarda kodlangan ma'lumotlarni funksional ifodasi bo'lib, oqsillarni kodlaydigan RNK molekulari yoki boshqa funksiyani bajaruvchi (kodlanmaydigan) RNK molekularining transkripsiyasi orqali sodir bo'ladi. Genlar ekspressiyasini o'rganish maqsadida teskari transkripsiya Polimer Zanjir Reksiyasidan (rt-PCR) foydalaniladi. Ushbu jarayon DNK dan hosil bo'lgan RNKlardan teskari transkripsiya orqali hosil qilingan komplementar DNK (cDNA) bo'laklari miqdorini aniqlashga asoslangan.

Tadqiqot natijalarining aniqligida reaksiyaning barcha komponentlari tozaligi va sifati muhim ahamiyatga ega. Reaksion muhitning asosiy tarkibiy qismi hisoblangan praymerlarning sifatiga esa alohida e'tibor qaratish muhim. Buning uchun esa praymerlarning samaradorligini tekshirish talab etiladi.

Miqdoriy PZRda praymer samaradorlik (qPCR primer efficiency) praymerlarni tozaligi, uning tanlangan gen bo'lagiga birikishi va mahsulot hosil bo'lishini ko'rsatuvchi sifat bo'lib, u orqali olib borilayotgan tadqiqotlarni aniqligi ortadi. Praymer samaradorligi foizlarda ifodalanadi va qiymati 90-110 % oralig'ida bo'lsa, tekshirilayotgan primerdan reaksiyada foydalanish maqsadga muvofiq bo'ladi.

RNAi usulida fitoxrom B (Phytochrome B) genini interferensiyalash asosida yaratilgan g'o'za liniyasida genlar ekspressiyasini o'rganish maqsadida teskari



transkripsiya PZR (rt-PCR) reaksiyasidan foydalanildi. Praymer samaradorligini aniqlash uchun fitoxrom genini interferensiyalovchi genetik vektor konstruktsiya kiritilgan g`o`za o`simligiga taqqoslash uchun olingan Coker-312 o`simligining yosh barg to`qimasidan RNK namunalari ajratib olindi. Tadqiqotda foydalaniladigan A, B, C, D, E, F genlarining praymerlari samaradorligi tekshirilganda A praymer uchun 100.15%, B praymeri uchun 104.5%, C praymer uchun 97.98%, D praymer uchun 100.24%, E praymer uchun 111.73%, F praymer uchun 122.19% ni tashkil etdi. E va F praymerlar samaradorligi 90-110% oralig`ida bo`lmaganligi sababli tadqiqotlarda foydalanish uchun yaroqsiz deb baholandi.

Gen ekspressiyasi asosida olingan natijalar primer samaradorligida aniqlangan natijalar bilan qayta hisoblab chiqiladi yoki miqdoriy PZR jarayonida dasturga praymer samaradorligi foizi kiritib qo`yiladi. Bu tadqiqotning aniqliligini va ishonchliligini yanada ortishiga katta xizmat qiladi.

## **CLONING AND ANALYSING THE PHYTOCHROME GENES IN TOMATO (*SOLANUM LYCOPERSICUM L.*)**

Mahmudova M.O'., Ayubov M.S., Yusupov A.N.

Center of Genomics and Bioinformatics  
[mmahmudova078@gmail.com](mailto:mmahmudova078@gmail.com)

Light is an important abiotic factor playing a major role in all morphophysiological and developmental processes throughout the life cycle of plants. The Angiosperms have mainly three classes of light sensors: cryptochromes, phototropins and phytochromes. Among these photoreceptor groups phytochromes(phy) are a widespread family of red and far-red light-absorbing proteins that are photomorphogenesis regulators in seed germination, de-etiolation, shade avoidance responses and flowering time.



Phytochromes exist as dimers with each monomer comprising apoprotein and a light-absorbing linear tetrapyrrole-chromophore. These photoreceptors are only biological pigment being present in interconvertible form. Absorption of red light by inactive  $P_r$  form can convert it to the biologically active  $P_{fr}$  form and this photoconversion results in  $P_{fr}$  transferring to the nucleus and regulating the expression of several genes. In a model plant *Arabidopsis thaliana* there are five members of phy(A-E) and their functions have been studied by using mutants deficient in some phy. Molecular phylogenetic analyses showed that *Arabidopsis* PHYB and tomato PHYB1 are not orthologues and their function varies with plant species.

Flowering is the most critical event for plant reproduction. Our aim is to focus more on the regulation of florigen genes by phytochromes in Tomato (*S. lycopersicum*) and promote early flowering by using RNA interference method. Tomato is widely grown plant and has great significance in food industry. Our developed tomato mutants flowering earlier than normal time of flowering can in turn get more reproductive parts and early ripening fruits. Tomato phy are encoded by a small gene family (PHYA, PHYB1, PHYB2, PHYE and PHYF). Genetic experiments demonstrate that phyB delays flowering promoting the degradation of CO(CONSTANS), a key regulator in the transcription of FT (FLOWERING LOCUS T) genes.

We identified the transcript sequence of tomato phyB1 in NCBI database and designed RNAi genetic construction to suppress the expression of this gene. Currently we are working on the insertion of this construct using *Agrobacterium tumefaciens* LB4404 strain into tomato's immature leaves.





## ГЕНОМНЫЕ ИССЛЕДОВАНИЯ БАКТЕРИИ *Erwinia amylovora* ВЫЗЫВАЮЩЕЙ БАКТЕРИАЛЬНЫЙ ОЖОГ ПЛОДОВЫХ КУЛЬТУР

Салахутдинов И.Б., Хуршут Э.Э., Раджапов Ф.С., Базаров Д.К.,  
Маматкулова Г.Ф., Зупарова Д.М.

Центр геномики и биоинформатики  
ilkhom.salakhutdinov@genomics.uz

*Erwinia amylovora* является возбудителем бактериального ожога плодовых культур – заболевания, поражающего большинство видов растений подсемейства яблоневых (*Maloideae*) и сливовых (*Spiraeoideae*) семейства розоцветные (*Rosaceae*). Болезнь происходит из Северной Америки, где впервые в 1879 году Берилл (Burrill) впервые в истории фитопатологии обратил внимание на бактериальную природу ожога и выделил возбудителя болезни. В настоящее время *E. amylovora* обнаружена в более чем 40 странах. Болезнь широко распространена в Северной Америке, Европе и на Ближнем Востоке, включая Иран и Турцию. Возбудитель бактериального ожога плодовых не зарегистрирован в Южной Америке и большинстве стран Африки и Азии. Однако развитие глобального рынка (импорт продукции и посадочного материала) несет потенциальную угрозу яблоневым садам и некоторым другим видам фруктовых деревьев в Центральной Азии. В связи с чем в Узбекистане данное заболевание внесено в разряд карантинных объектов, что является весьма актуальным для биобезопасности Республики.

Таким образом нами были проведены исследования полных последовательностей геномов 12 штаммов *E. amylovora*, а также штаммы 16-ти различных видов рода *Erwinia* из различных стран (США, Канада, Германия, Франция, Италия, Швейцария, Китай, Япония, Южная Корея и Малайзия). В результате нами были получена структура геномов различных видов *Erwinia*, которая представляла собой 344 блока. Данный анализ был направлен не столько



на оценку генетического разнообразия, сколько на выявление регионов с наиболее консервативными последовательностями. Другими словами, 344 блока содержат в себе избыточную информацию, которую необходимо сократить, для того чтобы выявить наиболее информативные участки. В результате анализа данных матриц расстояний для каждого отдельного блока нами были отобраны лишь 77 блоков, которые имели в своем составе 480 генов. Далее, для выявления генов с наиболее информативными последовательностями (баланс между консервативными и полиморфными участками) был написан скрипт на языке R, вычисляющий взвешенную энтропию для выравнивания по каждому гену. В результате такой фильтрации осталось 62 гена. Целевой анализ оставшихся генов при помощи пакета биоинформатических программ DNASTAR (Lasergene, USA) нами были выявлены 20 генов, которые позволили проведение быстрого и информативного анализа возбудителя бактериального ожога плодовых культур *E. amylovora*. На базе последовательностей этих генов был разработан ряд специфических праймеров, которые могут быть использованы для разработки новых эффективных тест-систем идентификации как *E. amylovora*, так и других видов *Erwinia*, что является актуальным для контроля за патогенами.

## **ВЛИЯНИЕ ИНСЕРЦИИ RNAi КОНСТРУКЦИЙ НА СОДЕРЖАНИЯ МИКРОНУТРИЕНТОВ В СЕМЕНАХ ХЛОПЧАТНИКА**

Маматкулова Ш.Х., Камбурова В.С., Маматкулова Г.Ф.

Центр Геномики и биоинформатики  
mamatkulova89@mail.ru

Анализ существенной эквивалентности предполагает, прежде всего, композиционный анализ ГМО и его аналогов. При этом исследуются ключевые компоненты сравниваемых организмов/продуктов, которые наиболее важны для здоровья человека: питательные вещества и их антагонисты; токсины, аллергены



и др. Среди питательных ключевых веществ выделяют главные (жиры, белки, углеводы) и минорные (минералы, витамины); к антинутриентам относятся в основном ключевые токсины растительного происхождения.

К основным микронутриентам относят витамины и микроэлементы. Витамины и микроэлементы являются соединениями, которые выполняют специфические и жизненно важные функции организма. Они могут выступать в качестве кофакторов, необходимых для катализа биологической реакции, необходимого для нормального зрения, участвующего в клеточном метаболизме, росте, дифференцировке и развитии клеток. Следовательно, их определение является одним из этапов выявления влияния инсерции генетических конструкций на питательную ценность ГМ растений.

Для определения витаминов А, D и E проводили экстракцию микронутриентов органическим растворителем после щелочного омыления субстрата или непосредственного растворения, упаривании полученного экстракта и переводе сухого остатка в другой растворитель. Анализ проводили на ВЭЖХ хроматографе, оснащенный аналитической хроматографической колонкой из нержавеющей стали, длиной 150 мм, внутренним диаметром 4 мм, с обращеннофазным сорбентом Нуклеосил 100 C18, зернением 5 мкм, предколонкой из нержавеющей стали длиной 50 мм, внутренним диаметром 4 мм с сорбентом типа «Нуклеосил» 100 C18, 7 мкм или аналогичным по свойствам. Скорость потока – 0,6 мл/мин. Подвижная фаза – ацетонитрил: дихлорметан: метанол в соотношении 10:1:9. Минеральный состав семян определяли методом атомно-абсорбционной спектрофотометрии.

При определении содержания жирорастворимых витаминов было обнаружено, что содержание ретинола и токоферола в линии pSyn-FoSTUA не отличалось от контрольной линии Кокер-312. В то время как у линии



RNAi\_FRS10 наблюдались статистически значимое увеличение содержания витамина А в семенах в сравнении с контрольной линией Кокер-312. При этом содержание у линии RNAi\_FRS10 токоферола оставалось на уровне контроля.

При анализе водорастворимых витаминов было обнаружено, что у всех образцов из витаминов группы В выявлены следовые количества пиридоксина и ниацина. Тиамин, рибофлавин, ниацин и аскорбиновая кислота не обнаружены ни в одном из образцов. При этом уровень пиридоксина и ниацина у трансформированных линий не отличалось от аналогичного показателя у контрольной линии.

Результаты изучения минерального состава семян различных линий хлопчатника показали, что у RNAi\_FRS10 и pSyn-FoSTUA линий не наблюдалось статистически значимых различий в содержании основных микроэлементов по сравнению с контрольной линией Кокер-312.

Таким образом, полученные результаты, позволяют судить, что введение в геном хлопчатника генетических конструкций RNAi\_FRS10 и pSyn-FoSTUA не оказало значимого влияния на биосинтез основных микронутриентов и, следовательно, не снизило питательной ценности семян хлопчатника.

**G‘O‘ZANING *GOSSYPIUM HIRSUTUM* L. TURIGA MANSUB  
MONOSOMIK LINIYALAR BILAN *G. BARBADENSE* L. TURIGA MANSUB  
PIMA 3-79 LINIYASI CHATISHISHI NATIJASIDA HOSIL BO‘LGAN F<sub>1</sub>  
DURAGAYLARNING KONYUGATSIYA TAHLILI**

O‘ralov J.S., Sanamyam M.F., Boboxujayev Sh.U.

Mirzo Ulug‘bek nomidagi O‘zbekiston Milliy Universiteti  
Jumanazar.uralov@rambler.ru

G‘o‘zaning *Gossypium hirsutum* L. turiga mansub navlar ekin maydonlariga ekilish ko‘lami bo‘yicha *Gossypium barbadense* L. turiga mansub navlarga nisbatan



yaqqol ustunlik qiladi. *G.hirsutum* L. turining dunyo miqyosida bunchalik keng ko‘lamda ekilishi, o‘z navbatida uning tola chiqimi va ba‘zi biomorfologik belgilari *G.barbadense* L. turiga nisbatan ustunligi bilan izohlanadi. Ammo, ekin maydonlarining juda katta qismini egallagan bu turning o‘ziga yarasha kamchiliklari ham mavjud. Tola sifati, uzunligi, qurg‘oqchilik va zararkunanda hasharotlarga nisbatan chidamliligiga ko‘ra *G.barbadense* L. turining navlaridan ustun turolmaydi.

Shuni inobatga olgan holda, *G. hirsutum* L. turiga mansub monosomik ( $2n-1$ ) liniyalar bilan *G. barbadense* L. turiga mansub liniyani duragaylash natijasida bir juft xromosomani *G.hirsutum* L. turiga o‘tkazish hamda liniya holigacha duragaylash natijasida xromosomasi almashgan liniyalar olish mumkin. Bu esa yuqoridagi xususiyatlarni yaxshilashda hal qiluvchi ahamiyatga ega bo‘lishi mumkin. Shu sababdan, Amerika Qo‘shma Shtatlari olimlari hamda O‘zbekistonlik olimlar ko‘p yillik ilmiy tadqiqot ishlari olib borishmoqda. Jumladan, O‘zbekiston Milliy Universitetida g‘o‘zaning noyob sitogenetik kolleksiyasi ustida sitogenetik hamda molekulyar-genetik tadqiqot ishlari olib borilmoqda. Tadqiqot uchun olingan identifikatsiya qilinmagan monosomik liniyalar bilan *G.barbadense* L. turining Pima 3-79 liniyasi chatishtirildi va  $F_1$  duragay o‘simliklar olindi. Monosomik liniyalar qaysi xromosomasi bo‘yicha yetishmovchilikka ega ekanligi noaniq hisoblanadi. Shuning uchun, sitogenetik tadqiqotlar bilan yonma-yon molekulyar-genetik tadqiqotlar ham olib borilmoqda. Bu Mo3, Mo8, Mo45 va Mo65 monosomik liniyalarini identifikatsiya qilish jarayonini tezlashtirishga xizmat qiladi. Turlararo  $F_1$  duragay o‘simliklarda meyoznining metafaza I bosqichida konyugatsiya tahlili orqali quyidagi ma‘lumotlar olindi.

Monosomik Mo3 liniya bilan Pima 3-79 liniyasi chatishtirilishidan hosil bo‘lgan  $F_1$  duragay oilada 21 ta o‘simlik bo‘lib, shundan hozirgacha 14 ta o‘simlikda meyoznining metafaza I bosqichi o‘rganilgan,  $520_6$  o‘simligida 25 ta bivalent hamda



bittadan o'rtacha-mayda univalent aniqlandi. Va bu esa monosomiklar uchun mos sitotipdir. Qolgan 13 ta o'simlik disomik o'simlik ekanligi sitogenetik tadqiqot davomida tasdig'ini topdi.

Bundan tashqari, Monosomik Mo8 liniya bilan Pima 3-79 liniyasi chatishtirilishidan hosil bo'lgan  $F_1$  oilada 7 ta o'simlik bo'lib, duragay oilaning sitogenetik tahlili natijasida faqat bitta o'simlik  $521_6$  o'simligi monosomik ekanligi aniqlandi va meyozi metafaza I bosqichida 25 ta bivalent hamda bittadan mayda univalent aniqlandi. Oiladagi 6 ta o'simlik disomik holdagi o'simlik ekanligi tekshirishlar natijasida aniqlandi.

Monosomik Mo45 liniya bilan Pima 3-79 liniyasi chatishtirilishidan hosil bo'lgan  $F_1$  53-oilada jami o'simliklar soni 16 ta bo'lib, shundan hozirgacha o'rganilganlari 7 ta,  $53_9$  duragayining meyozi metafaza I bosqichida o'rtacha-mayda univalentlarga ega ekanligi aniqlandi. Ushbu o'simlikning konyugatsiya tahlili monosomik o'simlik ekanligini ko'rsatdi.

Monosomik Mo65 liniya bilan Pima 3-79 liniyasi chatishtirilishidan hosil bo'lgan  $F_1$  duragay 63-oilada 13 ta o'simlik bo'lib, shundan sitogenetik tahlil orqali aniqlanganlari uchta o'simlikning ikkitasi disomik o'simlik ekanligi aniqlandi. Faqat  $63_{10}$  o'simligida meyozi metafaza I bosqichini kuzatishimiz natijasida bu o'simlik monosomik ekanligi hamda mayda univalentga ega ekanligi aniqlandi.

Aniqlangan monosomik o'simliklarda univalentlar o'lchamining kichikligi, katta ehtimol bilan univalentlar  $D_r$ -subgenomga tegishli ekanligini ko'rsatadi. Bu esa bizga keyingi sitogenetik va molekulyar-genetik tadqiqotlarimizni maqsadli yo'nalishda olib borishimizga zamin yaratadi.



## АЛОҲИДА ХРОМОСОМАСИ АЛМАШГАН ШАКЛЛАРДА АБИОТИК ВА БИОТИК ОМИЛЛАРГА АССОЦИЦИЯЛАШГАН SSR МАРКЕРЛАР ЁРДАМИДА *IN SILICO* ТАҲЛИЛИ.

Абдукаримов Ш.С.<sup>1</sup>, Бобохужаев Ш. У.<sup>2</sup>, Санамьян М. Ф.<sup>2</sup>, Хасанова Ш.А.<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Геномика ва биоинформатика маркази

<sup>2</sup> Мирзо Улуғбек номидаги Ўзбекистон Миллий Университети  
sharofiddinabdukarimov@gmail.com

Ѓўзанинг серҳосил, эртапишар, турли касалликлар ва зараркунандаларга чидамлилигини ҳамда шўрга, курғоқчиликка, иссиққа чидамли бўлган линия ва навларни яратиш замонавий генетик ва селекционер олимлар олдида турган асосий вазифа ҳисобланади. Бугунги кунда турлараро чатиштириш асносида абиотик ва биотик стрессларга чидамли бўлган дурагай шакллар, линиялар ва навлар яратилмоқда.

Бу вазифаларни амалга оширишда алоҳида хромосомаси-алмашган ўсимликларни олиш муҳим аҳамиятга эга. Ушбу линияларни SSR маркерлар ёрдамида ўрганиб, биотик омилларга чидамли локуслар аниқланган, хусусан CS-B04 ва CS-B18 линиялари илдиз нематодасига (*Meloidogyne incognita*) чидамли ҳамда CS-B11sh, CS-B16 ва CS-B17 линиялари фузариозни (*Fusarium oxysporum f. Vasinfectum Bilai*) 1 ва 4 расасига чидамлиги буйича QTL локуслар аниқланган (Ulloa et al., 2013, 2016). Бундан ташқари, ушбу хромосомаси алмашган линияларни Reddy ва бошқалар (2020) иссиққа ва курғоқчилик стрессларга ассоциациялашган SSR маркерларни CS-B01, CS-B04 ва CS-B18 линиялари ҳамда CS-B01, CS-T07 ва CS-T18 линияларида аниқлаган.

Ўзбекистонда ҳам хромосомаси алмашган шаклларни молекуляр-генетик ўрганиш ишлари амалга оширилмоқда (Бобохужаев ва бошқалар., 2016; 2017; 2018; Абдукаримов ва бошқалар 2019; 2020; Sanamyun et al., 2022). Геномика ва биоинформатика марказида ЎЗМУ даги ғўзанинг Ноёб Цитогенетик



коллекциядаги *G.hirsutum* L. турига мансуб моносомик Мо13, Мо34, Мо67, Мо92 ва Мо95 линиялар билан *G.barbadense* L. турига мансуб Pima 3-79 линиясининг ўзаро чатиштирилишидан олинган F<sub>1</sub>, BC<sub>1</sub>F<sub>1</sub>, BC<sub>2</sub>F<sub>1</sub>, BC<sub>3</sub>F<sub>1</sub> дурагай беккросс оилаларнинг 11 та SSR маркерлар (BNL1440, BNL3650, BNL2884, BNL1064, BNL3359, TMB1277, TMB0154, TMB0853, TMB1538, Gh039, Gh082) ёрдамида молекуляр-генетик ўрганилди ва аниқланган моносомик дурагай A<sub>t</sub>-субгеномнинг 6 хромосома буйича хромосома-алмашган шакллар аниқланди.

Тажриба учун олинган TMB1538 маркерларнинг ҳудудида қайси оқсил (ген) жойлашганлигини аниқлаш мақсадида Unipro UGENE 1.21.0 биоинформатик дастури ёрдамида *in silico* ПЗР амалга оширилди. Бунда *G.barbadense* L. нинг геноми <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/10770> ҳаволаси орқали юклаб олинди. SSR маркерлардан TMB1538 маркерининг *in silico* таҳлили натижалари тавсифланган, ушбу маркернинг узунлиги 198 та нуклеотид жуфтликдир ва TMB1538 маркерининг ҳар икки томонига 50 000 та нуклеотид қўшилди. AUGUSTUS веб-иловасининг қидириш бўлимига жами 100 198 нуклеотид кетма-кетлиги жойлаштирилди ва тахминий оқсиллар аниқланди.

Олинган натижалар ушбу минтақада 18 та ген ва 20 та транскриптни аниқлади. Улардан бири U-box-domain бўлиб, уларни PUB генлари оиласи синтезлайди. Бу генлар оиласи 1056 та асосий жуфтлик ҳудудида аниқланган. Улар ғўзадаги турли абиотик стрессларга (шўрланиш, қурғоқчилик, иссиқлик ва совуқлик) ижобий таъсир кўрсатади. Ушбу генлар оиласининг еттита вакили (*GbPUB39A* дан *GbPUB45A* гача) ғўзанинг *G. barbadense* L. турида 6-хромосомасида топилган (H.Lu ва бошқ., 2020). Бундан ташқари, At5g43190, F-box/kelch-такрорига ўхшаш протеин 708 да н.ж. топилди. Бу оқсил вегетатив ва репродуктив жараёнларда ўсимликларнинг ўсиши ва ривожланишида иштирок





етади. Protein F-бох генлари оиласи томонидан синтезланади. Ғўзада ушбу генлар Zhang ва бошқалар (2019) томонидан топилган.

Шундай қилиб, тадқиқот натижасида  $A_t$ -субгеномнинг 6 хромосомаси алмашган моносомик  $F_1$ ,  $BC_1F_1$ ,  $BC_2F_1$ ,  $BC_3F_1$  дурагай беккросс ўсимликда, *in silico* ПЗР таҳлили шуни кўрсатдики, ғўза *G.barbadense* L. турининг  $A_t$  – субгеномининг 6 хромосомасида ташқи муҳитнинг турли – абиотик ва биотик омилларига жавоб берувчи генлар жойлашганлиги аниқланди.

### **G'O'ZANING (*GOSSYPIMUM HIRSUTUM* L) HASHORATGA CHIDAMLI GENLARINI ANIQLASH VA TAHLIL QILISH.**

Orifjonova U.A, Ayubov.M.S, Tashmuhammedova Sh.S, Yusupov A.N, Murodov A.A

Center of Genomics and Bioinformatics, Uzbekistan  
orifjonovaumidakhan@gmail.com

Yil sayin dunyo aholisi soniga proporsional ravishda to'qimachilik, yog' -moy, gidroliz, kimyo sanoati va xalq xo'jaligi kabi ko'plab sanoat tarmoqlarining mahsulotlariga bo'lgan talab tobora ortib bormoqda. Bu talablarni qondirish uchun esa yuqoridagi sanoat tarmoqlarining asosiy xom ashyosi bo'lgan go'za o'simligi hosildorligini oshirish, turli stresslarga chidamli navlarni yaratish zarurati tug' ilmoqda. Statistika tahlillarga ko'ra, 1326 turdagi hasharotlar g'o'za vegetatsiyasining turli bosqichlarida o'simlikni zararlaydi.

Garchi olib borilayotgan qarshi kurash chora-tadbirlari qanchalik yaxshi bo'lmasin, hasharotlar o'zida kimyoviy preparatlarga qarshi immunitet hosil qilib, o'simliklarni zararlashni davom ettirmoqda. Bu zararlanish nafaqat hosilga, balki tola sifatiga va chigitning ozuqaviy qiymatiga ham jiddiy ta'sir ko'rsatmoqda. Bu esa mahsulotning bozor qiymatini pasaytirishi oqibatida iqtisodiyotga ham yetarlicha moliyaviy muammo tug'dirmoqda. Boisi, oxirgi yillarda O'zbekiston hukumati paxta



xom ashyosini eksport qilishni to'xtatgan holda, tayyor mahsulotlar eksportiga jiddiy qadamlar tashladi. Shularni hisobga olgan holda, zamonaviy biotexnologiya va post-genom texnologiyalarining yutuqlaridan foydalanib, hasharotlarga chidamli, hosildor va yuqori tola sifatiga ega yangi navlarni yaratish oldimizda turgan muhim vazifalardan biridir.

Bizning tadqiqotlar hasharotlarga chidamli g'o'za liniya va navlarini olishga qaratilgan bo'lib, unda RNK interferensiya texnologiyasi yordamida hasharotlar ichagida gossipolni parchalanishida ishtirok etuvchi moddalar sinteziga aloqador gen ekspressiyasi jarayonini izdan chiqarish maqsad qilingan.

Ma'lumki urg'ochi go'za tunlamining bitta kapalagi o'rtacha 500, ba'zan esa 1000 tagacha tuxum qo'yishi mumkin. Yoz oylarida bir avlodning rivojlanishi uchun 25—35 kun kifoya. Lichinkalar yosh barglar, shona va g'unchalar, yosh ko'sak to'qimalari bilan oziqlanadi. Bir yilda g'o'za tunlamining 3-5 avlodi rivojlanishi va yetarlicha zarar yetkazishi mumkin. Yuqoridagilarni hisobga olgan holda g'oza tunlami genlari o'rganildi va tadqiqot obyekti sifatida g'o'za tunlamining sitoxrom P450 geni (*CYP6AE14*) tanlab olindi. *CYP6AE14* geni hasharotning o'rta ichagida ekspressiyalanadi hamda g'o'za tarkibidagi zaharli modda gossipolni parchalaydigan oqsil transkripsiya qilish orqali unga nisbatan chidamlilikni ta'minlaydi.

RNK interferensiyasi texnologiyasini yordamida, hashoratning gossipolga chidamlilik funksiyasini buzish orqali, hashoratga chidamli g'o'za navlarini olish mumkin.

Hozirda Respublikamiz hududida tarqalgan go'za tunlamidan Genom DNK lari ajratildi. Maxsus praymer vositasida *CYP6AE14* genini amplifikatsiya qilindi va sekvens tahlili o'tkazildi. Tahlillar natijasida, farqli nukleotidlar ketma-ketligi aniqlandi.



## **CLONING AND BIOINFORMATIC ANALYSIS OF DROUGHT-RELATED GENES IN SOYBEAN**

Khatamov D.G.<sup>1,2</sup>, Ayubov M.S.<sup>1</sup>, Yusupov A.N.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Center of Genomics and Bioinformatics, Uzbekistan

<sup>2</sup>National University of Uzbekistan, Uzbekistan

dilmurodxatamov99@gmail.com

Drought is a prolonged period of abnormally dry weather that results in a water deficiency and can lead to negative impacts on agriculture, ecosystems, and human society. According to the latest statistics provided by the United Nations Office for the Coordination of Humanitarian Affairs (OCHA), Uzbekistan is currently experiencing an increase in drought conditions. As of August 2021, the OCHA reported that over 65% of the country's territory was affected by drought, with 83 districts experiencing the most severe drought conditions. This has led to significant agricultural losses, with an estimated 2 million hectares of cropland being affected, resulting in a 30-50% decrease in crop yields compared to previous years.

Soybeans are an important crop globally and have many uses including food, animal feed, and biofuels. Soybeans are also an important source of protein and other nutrients in many diets, particularly in areas where other sources of protein may be less or expensive. Drought can have significant effects on soybeans, reducing yields and quality. Drought stress can also cause changes in the chemical composition of soybeans, affecting their nutritional value and quality. Additionally, drought stress can increase the likelihood of disease and pest infestations, further reducing yields and quality.

There are several genes are involved in controlling drought tolerance in soybeans. One of the key genes is the DREB1A (dehydration responsive element-binding) gene, which encodes a transcription factor that regulates the expression of other genes involved in stress response. Another important gene is the NAC (NAM-no apical meristem, ATAF-Arabidopsis thaliana activating factor and CUC-cup-shaped



cotyledon) gene, which plays a role in regulating the plant's response to drought stress. In addition, several other genes have been identified as playing a role in drought tolerance in soybeans, including the WRKY (its name is coined from the highly conserved 60 amino acid long WRKY domains of the TFs), MYB (myeloblastosis), and bZIP (basic region/leucine zipper motif) genes.

Understanding the function of these genes and how they interact with each other could lead to the development of soybean varieties with improved drought tolerance. So far, many drought-related genes have been studied in *Arabidopsis thaliana*. Among these candidate genes, we selected the *ESK1* gene which has a high similarity ortholog in soybean (*Glycine max* (L.)). *ESK1* has been identified as a gene linked to the normal development of the plant vascular system, which is assumed directly related to plant drought response. Studies have shown that suppression of this gene in *Arabidopsis thaliana* leads to increased drought tolerance. We designed guide RNAs for the exon parts of the *ESK1* gene of soybean in order to knock out this gene using CRISPR Cas9 technology. Then these gRNAs are inserted into special vector plasmids. In the near future, we plan to insert the CRISPR Cas9 constructs into soybean's immature cotyledonary nodes using *Agrobacterium tumefaciens-mediated* transformation. After the process of somatic embryogenesis, mutant plants will be evaluated under special conditions.

## **ЃЎЗАДА ҒОВ ПАТОГЕНИГА ЧИДАМЛИЛИККА АЛОҚАДОР ДНК-МАРКЕРЛАРИНИНГ БИОИНФОРМАТИК ТАҲЛИЛИ**

Хусенов Н.Н., Норбеков Ж.К., Макамов А.Х., Кушанов Ф.Н.

Геномика ва биоинформатика маркази  
naimxusenov@gmail.com

Ѓўзада биоинформатик таҳлиллар асосида абиотик, биотик ва микдорий белгиларга жавоб берувчи генларни таҳрирлаш имконияти мавжуд. Ҳозирги



кунда, 2115 дан ортиқ ўсимлик турлари геноми тўлиқ секвенирланиб, NCBI маълумотлар базасига жойлаштирилган. Хусусан, дунё олимлари томонидан ғўзанинг *Gossypium* L. туркумига мансуб 29 та тур, жумладан *G.anomalum*, *G.arboreum*, *G.aridum*, *G.armourianum*, *G.australe*, *G.bickii*, *G.davidsonii*, *G.gossypoides*, *G.harknessii*, *G.herbaceum*, *G.klotzschianum*, *G.laxum*, *G.lobatum*, *G.longicalyx*, *G.raimondii*, *G.rotundifolium*, *G.schwendimanii*, *G.stocksii*, *G.sturtianum*, *G.thurberi*, *G.trilobum* ва *G.turneri* каби диплоид турлари ҳамда *G.hirsutum*, *G.barbadense*, *G.tomentosum*, *G.mustelinum*, *G.darwinii*, *G.ekmanianum*, *G.stephensii*, тетраплоид турлари геномларининг секвенирланганлиги ҳақида кўплаб маълумотлар илмий мақолаларида эълон қилинган бўлиб, уларнинг геномлари NCBI маълумотлар базасига жойлаштирилган.

Айниқса ўрта толали ғўза тури *G.hirsutum* геномининг секвенирланганлиги, биоинформатика усуллари ва генетик маълумотлар базаларидан фойдаланиб, маркерланган геном ҳудудларининг қимматли хўжалик белгиларига жавобгар генларини идентификация қилиш имкониятини яратди.

Ушбу тадқиқотда фузариозли вилт касаллигига генетик бириккан JESPR220, BNL3255, BNL3977, BNL4082, NAU1014 микросателлит маркерлар (QTLлар) номзод генларни башорат қилиш (candidate gene prediction) таҳлилларига жалб этилди. *In silico* ПЗР таҳлили UGENE 1.20 биоинформатик дастурий пакети ёрдамида амалга оширилди. Маркерларнинг ғўза геном ҳудудидаги жойлашувуни аниқлаш учун TM1 ва 3-79 ғўза линияларининг тўлиқ секвенс маълумотидан фойдаланилди. Таҳлил натижаларига биноан *in silico* ПЗР учун фойдаланилган жами 5 та маркердан барчаси ғўзанинг турли хромосомаларидан ўрин олди. AUGUSTUS ва BLAST таҳлиллари натижасида маркерларнинг ёндош ҳудудларида 15 та ҳақиқий номзод ген ва оқсил мавжудлиги аниқланди.



Хулоса ўрнида шуни айтиш мумкинки, мазкур *in silico* ПЗР усулидан фойдаланиб амплификацияланган гўзанинг геном участкаларида айнан фузариозли вилт касаллигига жавобгар ген ва оксиллар жойлашганлиги идентификация қилинган номзод ген ва оксилларнинг биологик функцияларини чуқурроқ ўрганиш учун хизмат қилади.

## **QANDLI DIABETNING 2 TURI BILAN KASALLANGAN BEMORLARDA ADIPOQ GENINING AHAMIYATI**

Reyimbergenova Z.A.1, Tsoy V.E.1, Tsay E.A.1, Mirahmedova M.P.2, Esimova D.M.2, Abduxalimova S.A.1, Nurmatova S.B., Ibragimova Sh.N.1, Dalimova D.A.1

1-Innovatsion rivojlanish vazirligi huzuridagi Ilg'or texnologiyalar markazi.

2-Y.X.To'raqulov nomidagi Respublika ixtisoslashtirilgan ilmiy-amaliy endokrinologiya tibbiyot markazi.

zumradreyimbergenova@gmail.com

Qandli diabetning 2 turi (QD2T), og'ir asoratlari bilan kechadigan metabolik kasallik bo'lib, butun dunyoda tobora kengayib borayotgan kasallikdir. 2019-yilda qandli diabetning global tarqalishi 9,3% (463 million kishi), 2030 yilga kelib 10,2% ga (578 million) va 2045 yilga kelib 10,9 % ga (700 million) ko'tarilishi taxmin qilinmoqda. Qandli diabetning 2 turi(QD2T) – oshqozon osti bezi  $\beta$ -hujayralarining funksiyasining buzilishi, insulin barqarorligining progressiv metabolitik buzilishi kasalligi hisoblanadi. Bu esa glyukoza almashinuvidagi nuqsonlarga va surunkali past darajadagi yallig'lanishga olib keladi. Ushbu kasallikning rivojlanishi genetik va atrof-muhit omillari bilan chambarchas bog'liq bo'lib, yuqori kaloriyali ovqat iste'moli, jismoniy harakatsizlik va havoning ifloslanishi kabi ba'zi ekologik omillar ham kasallikning rivojlanishida muhim ahamiyatga ega

Qandli diabetning 2 turi multifaktorial kasallik bo'lib, 100 dan ortiq genlar bilan assotsiatsiyasi o'rganilgan. Jumladan, KLF14, ENPP1, ADAMTS9, ADIPOQ, IRS, GCKR, IGF2BP2, SREBF1, FTO HNF4A, NOTCH2, CFKAL1, JAZF1, SCL30A8



genlari. Ushbu genlardan ADIPOQ geni keng tarqalgan bo'lib, adiponektin (Acrp30, AdipoQ, GBP-28, apM1) oqsilini ekspressiya qiladi. Proteinning organizmdagi funksiyasi triglitseridlarni kamaytirish; PPAR- $\alpha$  retseptorlariga bog'lanib fosforlanish jarayonini kuchaytirish va AMF kaskadlarini faollashtirish orqali insulin signalizatsiyasini nazorat qiladi. Qon plazmasidagi protein miqdori, glyukoza konsentratsiyasiga teskari proportsionaldir.

ADIPOQ genida 42 ta polimorfizm(SNP) aniqlangan. Qandli diabetning 2 turida bevosita yoki bilvosita 8 ta SNP ta'sir qiladi. ADIPOQ genidagi 276 G>T polimorfizmi natijasida adiponektin oqsilining ekspressiyasi pasayadi va qandli diabetga olib keladi. Ushbu polimorfizmning uchrash chastotasi turli davlatlarda turlicha.

O'zbekiston aholisida QD2T kasalligiga moyillik keltiruvchi ADIPOQ geni 276 G>T polimorfizmining chastotasini aniqlash.

Tadqiqot uchun Qandli diabetning 2-turi bilan kasallangan 50 ta bemorlarning venoz qon namunalari olindi. Ushbu qon namunalaridan nukleosorbtsiya metodi yordamida DNK ajratildi. Ajratib olingan DNK namunalarining sifati va miqdorini gel-elektroforez va Biospec nanospektrofotometr yordamida aniqlandi. DNK namunalari ADIPOQ geni 276 G>T polimorfizmiga PZR-amplifikatsiyasiga qo'yildi.

ADIPOQ geni 276 G>T polimorfizmini 50 ta DNK namunalarini genotiplash natijasida quyidagi natijalar olindi: GG (allel) – 24ta (48 %), GT (allel) – 20ta (40 %), TT (allel) – 6 ta (12 %) namunalarda kuzatildi. Ushbu polimorfizm bo'yicha G allelining uchrashi 68 % ni, T allelining uchrashi 32% ni tashkil qildi. Osiyoliklarda T allelining uchrash chastotasi 29-31%, Afrikaliklarda – 21%, Kavkazliklarda – 26-30%;Ispanlarda - 24% ni tashkil qiladi. Demak, bizning natijalarimiz Osiyoliklar va Kavkaz aholisida T allelining uchrash chastotasi yaqin ekanligi kuzatildi. Hossain va boshqalar (2015) tadqiqotlarida ADIPOQ geni 276 G>T polimorfizmining QD2T bilan bog'liqligi aniqlandi. T alleli tashuvchilari adiponektin konsentratsiyasiga ta'sir qilib,



tana vaznining ortishiga, QD2T va yurak qon tomir kasalliklarini rivojlanishiga sabab bo'ladi. Shunday qilib ADIPOQ genining 276 G>T polimorfizmini erta aniqlash Qandli diabetni 2 turi kasalligini rivojlanishiga moyillikni barvaqt aniqlash imkonini berishi mumkin. Keyingi tadqiqotlarda ushbu polimorfizmni kasallik bilan assotsiatsiyasini aniqlash keng ko'lamda o'tkazilishi rejalashtirilmoqda.

## **ARABIDOPSIS VA G'O'ZA O'SIMLIKLARIDAGI FITOXROM GENLAR OILASINI TAVSIFLASH**

Mamatova M.S., Ayubov M.S., Abdulov I.A., Mamajonov B.O.

Genomics va bioinformatics markazi  
Iloglog94@gmail.com

O'simliklarda fitoxrom gen oilasiga mansub fotoretseptorlar mavjud bo'lib, ular o'simliklarda urug'larning unishidan gullashigacha bo'lgan jarayonlarni nazorat qiladi. Shuningdek, fitoxromlar o'zgaruvchan fotoperiodlarga javoban gullash vaqtini tartibga solishda muhim ro'l o'ynaydi va yorug'lik sifatining o'zgarishiga javoban keng ko'lamli transkripsiya o'zgarishlarini keltirib chiqaradi. Bizga malumki, fotoretseptorlar 1959 yilda kashf etilgan va hu vaqtdan boshlab bugungi kungacha ko'plab o'tkazilgan tadqiqotlar natijasida molekulyar va biokimyoviy mexanizmlari aniqlangan.

Qolaversa, hamma fotoretseptorlar ichida faqat fitoxromlarga yorug'lik nurining miqdoriga bog'liq ravishda unish jarayonini faollashtiruvchi va to'xtatuvchi asosiy omil hisoblanadi. Yana bir yagona jihat ularning qizil nurni yutgandagi Pr va Pfr formasi o'rtasidagi o'zaro aloqaning mavjudligidir. Fitoxrom genlari ko'plab tadqiqotchilar tomonidan katta qiziqish bilan o'rganilgan va tavsiflangan bo'lib, xususan Markazimiz olimlaridan Ibrohim Abduraxmonov tadqiqotlarida ham g'o'za o'simligida PHYA1 geni nokaut qilinganda, o'simlikda ildiz tizimini taraqqiy etishi, va





poyaning uzayishi, erta gullashi, tolaning uzunligi boshqa navlariga nisbatan sezilarli darajada yaxshilanganligi aniqlangan.

Bundan tashqari o'rganilgan tadqiqotlar natijasida diploid g'ozada genomida PHYA genining ikkita nusxasi (PHYA1, PHYA2,) boshqa genlarning (PHYB, PHYC va PHYE) esa yagona nusxalari aniqlangan. Tetraploid g'ozada esa to'rtta PHYA geni aniqlangan bo'lsa, boshqa fitoxrom genlari mos ravishda ikkitadan ekanligi (PHYB, PHYC va PHYE) ma'lum bo'lgan. PHYA geni faqat angiospermda mavjud bo'lib, nihollarning erta unishi va urug'kurtakning yashil rangli bo'lishini ta'minlaydi. G'ozada genomida PHYD geni hali aniqlanmagan. *Abidopsis thaliana* o'simligida PHYB geni yorug'lik va harorati signallarini orqali soyani sezishi va undan o'simlikni himoya qilishi va kunduzgi yorug'lik nuri tasirida o'simliklarda gullash jarayonini susaytirishi o'rganilgan bo'lib, ushbu gen funksiyasi yo'qotilgan o'simlik erta gullaydi.

### **BETA-HEKSOSAMINIDAZA GENINI CRISPR CAS9 YORDAMIDA TAHRIRLASH ORQALI POMIDOR MEVALARINING SAQLASH MUDDATINI OSHIRISH**

Obidov N.Sh., Mirzakhmedov M.Kh., Ayubov M.C., Yusupov A.N., Mamajonov B.O., Bashirxonov Z.H., Kamalova L.X., Murodov A.A., Xatamov D.G'.

Genomika va bioinformatika markazi, Toshkent viloyati, Qibray tumani 2-uy  
obidovnuriddin17@gmail.com

Pomidor (*Solanum lycopersicum*) dunyo aholisini asosiy oziq-ovqat mahsulotlaridan biri hisoblanib, tarkibida vitaminlar, minerallar va turli mikroelementlar saqlaydi. 2020 yilda pomidor dunyo bo'yicha qariyb 5051983 gektar maydonda yetishtirilib, 186,821 million tonna hosil olingan. O'rtacha hosildorlik 37,1 tonnani tashkil qilgan. Dunyo mamlakatlari orasida pomidor yetishtirish bo'yicha Xitoy, Hindiston, Turkiya yetakchi davlatlar hisoblanadi. O'zbekistonda ham 2020 yilda 57 746 gektarga ekilib, 1 928 508 tonna mahsulot yetishtirilgan.



Hozirgi kunda aholi sonining jadal sur'atlar bilan o'sib borishi oziq-ovqat mahsulotlariga bo'lgan talabni oshishiga olib kelmoqda. Bu esa o'z navbatida yuqori hosildor, turli kasalliklarga, tuz va qurg'oqchilik stresslariga chidamlilik kabi bir qator qimmatli xo'jalik belgilariga ega yangi ekin navlarini yaratishni taqozo qilmoqda.

Yuqoridagi kabi muammolarni hal qilishda an'anaviy seleksiya usullari bilan bir qatorda zamonaviy post-genom texnologiyalarni qo'llanilishi yuqori samaradorlikka erishishning kaliti bo'lib xizmat qiladi. Genetik muxandislikning transkripsiya aktivatori kabi effektor nukleazalar (TALENs), rux-barmoqli nukleazalar (ZFN) va meganukleazalar (MNs) kabi genomni tahrirlash vositalarini kashf qilinishi, o'simliklarda genlarni maqsadli boshqarish imkonini kengaytirdi. Biroq, bu yondashuvlar qimmat va mashaqqatli bo'lib, muvaffaqiyatli tahrirlash uchun murakkab jarayonlarni o'z ichiga oladi. So'nggi yillarda CRISPR/Cas9 tizimi maqsadli mutagenез uchun kuchli vosita sifatida paydo bo'ldi. CRISPR/Cas tizimi genomni maqsadli tahrirlash uchun samarali, konstruksiya dizayni nisbatan sodda, tejamkor hamda ko'p qirrali vositadir. Shuningdek bu texnologiya tadqiqotchilarga multipleks genlar funksiyasini aniq boshqarish, o'simliklardagi gen transkripsiyasini tartibga solish kabilarga imkon beradi.

Bizning tadqiqotlar pomidor hosilini saqlash muddatini uzaytirishga qaratilgan. Tadqiqotda mevalar pishib yetilgandan so'ng meva eti hujayralari yumshab, buzilishi bilan aloqador genlar o'rganildi. Bu genlar orasida Beta-heksosaminidaza geni ekspressiyasi pishgan pomidor meva hujayralarida yuqori ekanligi aniqlandi. Yuqoridagilarni hisobga olgan holda pomidor mevasini saqlash muddatini uzaytirish uchun Beta-heksosaminidaza genini CRISPR/Cas9 yordamida mutatsiyaga uchratish maqsad qilindi. CRISPR/Cas9 kassetasini yig'ish uchun genning ikkita ekzon qismlari tanlab olindi va ularga mos yakka yo'naltiruvchi RNK (sgRNA)lar dizayn qilindi.



Tuzilgan sgRNK asosida CRISPR/Cas9 kassetasi yig'ildi. Hozirda o'simlikka transformatsiya qilish ishlari olib borilmoqda.

**ARABIDOPSIS THALIANA L. DA HY5 GENINI O'CHIRISH ORQALI  
OLINGAN MUTANT O'SIMLIKLARDA MORFOLOGIK  
O'ZGARISHLARNI BAHOLASH VA BOSHQA GENLAR BILAN  
INTEGRASIYASINI ANIQLASH**

Mamajonov B.O., Ayubov M.S., Yusupov A.N., Obidov N.Sh., Murodov A.A.,  
Bashirxonov Z.H., Kamalova L.X., G'ofurova S.F., Mamatova M.S.

Genomika va bioinformatika markazi  
mamajonovbexzod@gmail.com

O'simliklarda yorug'lik nuriga javob beruvchi va ularni qabul qiluvchi qator tuzulmalar shakillangan bo'lib, bu tuzulmalar fotoretseptorlar yoki fotosensorlar deyiladi. O'simliklarda yorug'lik bilan bog'liq jarayonlarni boshqarishda muhim ahamiyatga ega bo'lgan, FHY3 bo'lgan FAR-RED – (uzoq-qizil uzaytiruvchi hypocotyl3) va HY5 (Elongated hypocotyl5) kabi transkripsiya omillari mavjud. Transkripsiya omili bo'lgan *HY5* geni yorug'lik to'lqin uzunligining uzoq-qizil nurlariga javob berib, ko'k nurlar bilan birgalikda o'simlikda antatsionin to'planishida muhim ro'l o'ynaydi. Hy5 genlari qizil nur va qorong'ulik sharoitida pigment to'plash funksiyasini bajarmaydi. Bundan tashqari, HY5 transkripsiya omili sifatida o'simlikning rivojlanish fotomorfogenezida ham muhim rol o'ynaydi. Fotomorfogenez bu - yorug'lik vositasida transkriptom va giston modifikatsiyasi o'zgarishlarini o'z ichiga olgan muhim o'simlik rivojlanish jarayonidir. Biroq, shu kungacha HY5 vositachiligidagi transkripsiyani tartibga solishning molekulyar mexanizmi noaniq bo'lib qolmoqda. Yorug'likning qizil va uzoq-qizil nurlari ta'sirida *A.thaliana* L. o'simlikda HDA15 (Histone deacetylase15) gipokotil hujayralarining uzayishiga salbiy ta'sir qiluvchi regulyator hisoblanadi. HDA15 ning fermentativ faolligi esa gipokotil hujayralarining cho'zilishini to'xtatadi. HDA15 va HY5 birgalikda



fotomorfogenezda gipokotil uzayishini sekinlashuvida ishtirok etadi. Arabidopsida HY5 genlari gipokotil hujayra uzayishi bilan bog'liq genlarni repressiya qilishda HDA15 dan foydalanadi. HY5 genlari quyosh qizil nurlari ta'sirida o'simlikda gipokotil o'sishi va lateral ildiz rivojlanishini pasaytiradi va yorug'likka bog'liq holda pigment to'planishiga yordam beradi.

*A.thaliana* L. o'simligidagi HY5 genlarining quyosh nurining uzoq-qizil nurlari ta'sirida o'simlik fotoretseptorlari tomonidan faollashishi natijasida o'simlik genomidagi boshqa genlar ekspressiyasiga ta'sir ko'rsatib, ularni bloklaydi va o'simlik morfologiyasidagi qator xo'jalik belgilarni nomoyon bo'lishiga to'sqinlik qiladi. Bu muammoni bartaraf etish uchun esa zomoniy biotexnologiya usullaridan foydalanish maqsadga muvofiqdir. Xususan RNAi texnologiyasi bu borada oldingi o'rinlarda turadi. Unga ko'ra *A.Thaliana* L o'simligi genomidagi HY5 genlariga nishonlangan mikorRNKlar yuborib HY5 genlarini (gen nokuot yoki bloklash) faoliyatini susaytishimiz mumkin. Natijada quyoshdan kelayotgan qizil nurlarni HY5 genlar sezmaydi ya'ni fotoretseptorlar tomonidan qizil nurlar qabul qilinmaydi va boshqa genlar ekspressiyasiga ta'sir ko'rsatmaydi. Buning natijasida o'simlikdagi fitohrom genlar oilasi faollashadi, HDA15 fermentativlik faolligi pasayib gipokotel va ildiz elongatsiyasi ortadi. O'simlikda fitogormanol faolligi ortib etilen sintezi ko'payishi natijasida mevalarning ertapisharlik holati namoyon bo'ladi. *A.Thaliana* L o'simligini model organizimligidan kelib chiqqan holda shu tajribani *Gossypium* avlodlarida ham amalga oshirib, o'simliklarda ham qishloq xo'jaligi uchun ahamiyatli bo'lgan belgilariga ham ta'sir ko'rsatib, yangi liniyalarni olishni maqsad qilganmiz.



## **YURAK-QON TOMIR KASALLIKLARIDA CYP2E1 GENINING AHAMIYATI**

Abduxalimova S.A.<sup>1</sup>, Kurmaev S.E.<sup>3</sup>, Reyimbergenova Z.A.<sup>1</sup>, Alyavi B.A.<sup>2</sup>,  
Uzokov J.K.<sup>2</sup>, Abdullaev A.X.<sup>2</sup>, Ibragimova Sh.N.<sup>1</sup>, Dalimova D.A.<sup>1</sup>

1-Innovatsion rivojlanish vazirligi huzuridagi Ilg'or texnologiyalar markazi.

2-Respublika ixtisoslashtirilgan terapiya va tibbiy rehabilitatsiya ilmiy-amaliy tibbiyot markazi.

3- OOO Esthetique blanche.

sanobar1396@gmail.com

JSST statistik tahliliga ko'ra, 2016-yilda 17,9 million kishi yurak-qon tomir kasalliklaridan vafot etgan, bu butun dunyo bo'ylab o'lim holatlarining 31 foizini tashkil qiladi. Ushbu o'limlarning 85% miokard infarkti va insult tufayli sodir bo'lgan.

Yurak qon-tomir kasalliklariga moyillik keltiruvchi bir qancha genlardan biri CYP2E1 geni dorilar, gormonlar va ksenobiotiklar metabolizmida ishtirok etadigan fermentni kodlaydi. CYP2E1 oqsili yurakda bir nechta patofiziologik rollarga ega, jumladan oksidlovchi stress va apoptozning kuchayishi, shuningdek, ayrim kasallik holatlarida yurakning energiya talabini qondirish uchun energiya ta'minoti hisoblanadi.

Tadqiqotning maqsadi yurak qon-tomir kasalliklariga moyillik keltiruvchi CYP2E1 genining rs2070676 polimorfizmini molekulyar-genetik analizidan iboratdir.

Tadqiqot uchun yurak qon tomir kasalligiga chalingan 51 ta bemorlarning venoz qon namunalari olindi. Ushbu qon namunalari nukleosorbtsiya metodi yordamida DNK ajratildi va CYP2E1 geni rs2070676 polimorfizmiga RT- PZR-amplifikatsiyasi (real vaqtdagi PZR) qo'yildi.

DNK namunalarini genotiplash natijasida quyidagi natijalar olindi: CC - 34 ta (66,67 %), CG - 16 ta (31,4 %), GG - 1 ta (1,96 %) namunalarda aniqlandi. CYP2E1 geni bo'yicha C allelining (norma) uchrashi 82,4 % ni, G allelining (mutant) uchrashi 17,6 % ni tashkil qildi. Chang Ling-Sai va boshqalar tadqiqotiga (2017) ko'ra, CYP2E1 genidagi



rs2070676 polimorfizmining GG genotiplarining uchrashi koronar arteriyalarning shikastlanish xavfi yuqori ekanligi aniqlandi.

Shunday qilib, CYP2E1 genining G allelini tashuvchilar yurak qon-tomir kasalliklarining rivojlanishining bir qancha xavf omillariga ega bo'lib, miokardit, gipertoniya, ateroskleroz kabi kasalliklarni rivojlanishining yuqori xavf guruhiga kiradi. Ushbu polimorfizmni analizi yurak qon-tomir kasalliklarini birlamchi profilaktikasi, xavf omillarini modifikatsiyasi, shuningdek, yurak qon-tomir kasalliklarini erta aniqlanishi va davolanishini hamda uning asoratlarini rivojlanishini oldini olish imkonini beradi. Keyingi tadqiqotlarda CYP2E1 genini kasalliklar bilan assotsiatsiyasini aniqlashni keng miqyosida o'rganish rejalashtirilmoqda.

### **ELONGATED HYPOCOTYL5 (*HY5*) GENINING RNK INTERFERENSIYASI VA UNING G'O'ZADAGI (*GOSSYPIUM HIRSUTUM*) MORFOLOGIK BELGILARGA TA'SIRI.**

G'ofurova S.F., M.S. Ayubov, Yakubov I.T., B.O.Mamajonov, Sharipova H.X.  
Abduraxmonov I.Y.

Genomika va bioinformatika markazi, Toshkent viloyati Qibray tumani 2-uy  
Bgofurov35@gmail.com

O'simliklarda yorug'lik nuriga javob beruvchi maxsus fotoretseptorlar mavjud bo'lib, ulardan biri *ELONGATED HYPOCOTYL5 (HY5)* genlari hisoblanadi. Yorug'lik ta'sirida *HY5* genlari o'simliklarning o'sishidagi deyarli barcha jarayonlar, jumladan, urug'ning unishidan to vegetatsiya davrigacha, ritmik sikllar nazorati, gravitropizm va fototropizm jarayonlarini boshqaradi. O'simlikdagi turli genlar yorug'likning turli to'lqin uzunliklariga javob berishi bilan bir-biridan farqlanadi.

Xususan, fitoxrom genlar oilasi qizil nurlar ta'sirda faollashsa, kriptoxrom genlar oilasi esa ko'k nurlar ta'sirda, *HY5* genlari esa qizil va uzoq-qizil nurlar ta'sirada faollashishi natijasida o'simlikning fiziologiyasiga ta'sir ko'rsatib, bir qancha



morfologik o'zgarishlarni keltirib chiqaradi. HY5 geni yorug'likning uzoq-qizil nurlar ta'sirida, o'simlikda boshqa genlar ekspressiyasini boshqarishda qatnashadi, HY5 genining faollashishi o'simlikning morfologik va fiziologik xususiyatlariga salbiy ta'sir ko'rsatadi.

HY5 genlari yorug'lik nuri ostida o'simlikda antotsianin to'planishida muhim rol o'ynaydi. Lekin qizil nurda va qorong'ulikda bu funktsiyalarni bajarmaydi. HY5 geni PHYA ishtirokida o'simlikning gipokotel elongatsiyasi pasayishiga ta'sir ko'rsatadi. PHYB geni ishtirokida esa gullash jarayonini boshqaradi. Bundan tashqari, HY5 genlari o'simlikning hosildorligini va ertapisharlik kabi muhim belgilarni namoyon bo'lishida ishtirok etadi.

Yuqorida keltilgan HY5 genlari tomonidan salbiy boshqariladigan morfologik belgilarni yaxshilash maqsadida, zamonaviy texnologiyalardan foydalangan holda, g'o'za o'simligida HY5 genlariga RNK interferensiya texnologiyasi qo'llash orqali HY5 genlarini bloklash imkoniyati yaratildi. Bunda HY5 genlaridan hosil bo'lgan transkriptlar maxsus RNKi vektorlar yordamida o'zining komplementarini sintez qiluvchi kichik oligonukleotidlar yordamida bloklanadi yoki parchalab tashlanadi. Bu esa boshqa genlar faoliyatiga ijobiy ta'sir qilib, o'simlikda gipokotel, ildiz elongatsiyasini oshirish, erta unuvchanlik, gullash jarayonini tezlashtirish, hosildorlik va erta pisharlik kabi o'simlik uchun muhim bo'lgan xo'jalik belgilarini yaxshilanishiga olib keladi.



## **DEVELOPMENT OF TRANSFORMATION METHOD TO OBTAIN BIOTECH COTTON (*GOSSYPIUM HIRSUTUM* L.) CARRIES SYN B RNAI CONSTRUCTION USING *AGROBACTERIUM TUMEFACIENS***

Abdullaev A., Ubaydullaeva Kh.A., Eshmurzaev J., Bolkiev A.A., Abdullaev S., Babadjanova F., Ayubov M.S., Buriev Z.T

Center of Genomics and Bioinformatics  
adhamnomozovich@gmail.com

Cotton is one of the most important fiber crops. It is estimated that agriculture contributes US\$ 15-20 billion to the world's agricultural economy. More than 1 million people depend on it for their livelihood, cotton requires intensive crop management as it is highly sensitive to biotic and abiotic influences. Although traditional methods have achieved steady improvement in agronomic traits, there is not much genetic diversity for further improvement. At the same time, genome modification methods have provided the introduction of foreign genes into cotton by *Agrobacterium* or biolistic cannon transformation, which involves the development of an effective regeneration system from transformed tissues. Therefore, we used *Agrobacterium tumefaciens* transformation method in our study. SYN\_B RNAi genetic construct transformed into *Agrobacterium tumefaciens* strain LBA 4404 was transformed with the bacterium grown on PIM medium with Acetosyringon. *Agrobacterium* strain LBA 4404 was grown in YEP medium at a temperature of 28°C in a thermostat with a shaker rotating 200 times per minute. After that, PIM medium with Acetosyringon was added to *agrobacterium* to obtain *agrobacterium* suspension. Ripe seeds of Koker-312 were delinted using sulfuric acid (H<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>), then washed three times with sterile distilled water. Surface sterilized seeds were collected on agar medium. Hypocotyl pieces (3-5 mm) were transferred to a special nutrient medium and the transformation process was carried out. Hypocotyls used as explants for callus induction which were transferred to





MS nutrient medium with different combinations of auxin and cytokinin hormones for one month.

## **ЗНАЧЕНИЕ ВЗАИМОСВЯЗИ МЕХАНИЗМОВ РЕЦЕПТОРА ЭСТРОГЕНА И ПОЛИМОРФИЗМА PRO47SER ГЕНА TP53 У БОЛЬНЫХ РАКОМ МОЛОЧНОЙ ЖЕЛЕЗЫ В ПОДПОЛНЕМ МЕТОДОМ ИММУНОГИСТОХИМИЧЕСКОГО ИССЛЕДОВАНИЯ**

Авезов Н.Ш.<sup>1</sup>, Кадырова Д.А.<sup>2</sup>, Суюнова Э.Ш.<sup>4</sup>, Максудова А.Н.<sup>5</sup>, Алимов Т.Р.<sup>3</sup>,  
Бобоев К.Т.<sup>3</sup>

1 – Институт биоорганической химии УзФА им. Обида Содикова

2 - Институт биофизики и биохимии УзМУ им.М.Улугбека

3 – Республиканский специализированный гематологический научно-практический  
медицинский центр ССВ УзР

4 – EMU University

5 - Ташкентский фармацевтический институт  
nodir-ibh@mail.ru

Рак молочной железы (РМЖ) является одним из наиболее распространенных заболеваний и при отсутствии своевременной диагностики и надлежащего лечения демонстрируя довольно высокие показатели летальности среди женщин в мире. Различные генетические, эпигенетические и полиморфные изменения важны для повышения эффективности терапии РМЖ. При развитии РМЖ, еще до появления выраженных клинических признаков, можно оценить изменения показателей общего анализа крови, общего анализа мочи и биохимического анализа крови. Кроме того, особую роль в диагностике РМЖ играет иммуногистохимический (ИГХ) метод. Этот анализ необходим для изучения особенностей строения новообразования, скорости его развития, агрессивности и тяжести течения заболевания. Также установлено, что наружная мембрана клеток РМЖ содержит белковые молекулы женских половых гормонов – рецептора эстрогена (ЭР) и рецептора прогестерона (ПР), что определяет чувствительность к целевому лекарственному средству. В настоящее время в



результате изучения молекулярных механизмов возникновения и развития РМЖ, проведения множества исследований по изучению генов-кандидатов, вызывающих соматические мутации, полиморфизмы, появляются возможности для ранней диагностики и лечения заболевания. Одним из таких генов-кандидатов является ген TP53, известный как «ген-супрессор опухоли», «хранитель генома» или «клеточный привратник роста и деления», расположенный на коротком плече хромосомы 17p13.1, который чаще всего мутирует при злокачественных новообразованиях человека, включая РМЖ. Предрасположенность человека к раку и другим заболеваниям связана с генетическими полиморфизмами, которые вносят важный вклад в восприимчивость к болезням. Один из них представляет собой редкий полиморфизм, возникающий в результате замены нуклеотида С>Т в кодоне 47 экзона 4 гена TP53 Pro47Ser (g1.11370 С>Т, с, 139С>Т,) и изменяет пролиновый остаток p53 на серин.

Анализ механизмов зависимости полиморфизма Pro47Ser рецептора ЭР и гена TP53 у пациентов с РМЖ, обследованных ИГХ.

Для исследования были взяты 42 пациентки с диагнозом РМЖ, обследованные ИГХ. ДНК выделяли из периферической крови исследуемых образцов с помощью наборов «АмплиПрим Рибо-преп» (ООО «Некст Био», Россия) и «Диатом™ ДНК Преп 100» (Лаборатория Изоген, Россия). Количество и качество ДНК проверяли на спектрофотометре NanoDrop 2000 (Thermo Fisher Scientific, США). При определении полиморфизма Pro47Ser гена TP53 методом полимеразной цепной реакции (ПЦР) 2720 "Applied Biosystems" (США) был проведен амплификатор с использованием тест-набора Litex (01338-100 ООО НПФ "Литекс" Россия) согласно инструкции производителя. Наличие продуктов ПЦР визуализировали на трансиллюминаторе (Биоком УВТ1) методом



электрофореза на 3% агарозном геле. Статистическую обработку полученных результатов проводили с помощью статистических компьютерных программ «WINPEPI 2016, версия 11.65» и «EpiCalc 2000, версия 1.02».

В данном случае был проведен анализ значимости взаимосвязи между результатами ИГХ, то есть выявлением маркера рецептора ЭР, и полиморфизма Pro47Ser гена TP53 у 42 пациентов с РМЖ. Полиморфизм rs1800371 гена онкосупрессора TP53 был выявлен у 40 женщин с доминантным С/С генотипом. Из них 25 (62,5%) пациентов оказались ЭР-положительными, а остальные 15 (37,5%) пациентов оказались ЭР-отрицательными. Так, в ходе исследования было установлено, что у 62,5% женщин с РМЖ гормональная терапия эффективна, а у остальных 37,5% эта терапия неэффективна. Кроме того, из 2 пациентов с генотипом С/Т 1 пациент (50,0%) был ЭР-положительным, а оставшийся 1 (50,0%) пациент был ЭР-отрицательным. Поэтому было определено, что у 50,0% этих женщин будет положительный результат гормональной терапии, а у остальных 50,0% - отрицательный. Установлено, что генотип Т/Т данного полиморфизма у больных не обнаружен. Также при функциональном анализе этих данных статистически анализировали частоты опасных и безопасных генотипов в отрицательных и положительных группах, генотип С/Т (50,0% и 50,0% соответственно,  $\chi^2=0,1$ ;  $p=0,7$ ; RR=1,6; 95% CI: 0,11-24,2; OR=1,6 95% CI: 0,1-28,6). Напротив, при генотипе С/С наблюдался протективный характер в отношении риска РМЖ, порог статистических различий достигал значимого уровня ( $\chi^2=2,1$ ;  $p=0,1$ ; RR=0,9; 95% CI: 0,84-1,13; OR=0,6; 95% CI: 0,03-10,32). Таким образом, установлено, что относительный риск и отношение шансов стабильности РМЖ при химиотерапии у больных, относящихся к группе негативных, носителей генотипа С/Т, увеличились в 1,6 раза.

Таким образом, было обнаружено, что ген TP53 был связан с



полиморфизмом Pro47Ser и маркерами ИГХ у женщин РМЖ, прошедших обследование ИГХ. Мы полагаем, что этот полиморфизм Pro47Ser гена TP53 может быть использован в качестве генетического маркера в прогнозе РМЖ с помощью ИГХ-тестов.

### **ИССЛЕДОВАНИЕ ВЛИЯНИЯ СОЛЕВОГО СТРЕССА НА СОДЕРЖАНИЕ СВОБОДНОГО ПРОЛИНА И САЛИЦИЛОВОЙ КИСЛОТЫ В ЛИСТЬЯХ ХЛОПЧАТНИКА СОРТА ПОРЛОК-4**

Имамходжаева<sup>1</sup> А.С., Рахматова<sup>1</sup> Н.Р., Мамаджанов<sup>2</sup> А., Кушаков<sup>1</sup> Ш.О., Камбурова<sup>1</sup> В.С., Буриев<sup>1</sup> З.Т.

<sup>1</sup> Центр Геномики и биоинформатики АН РУз

<sup>2</sup> Институт Биофизики и Биохимии при НУУз им. М.Улугбека

iazadaxan@gmail.com

Одним из основных абиотических факторов, влияющих на производительность сельского хозяйства, является засоление почв. В настоящее время в мире более 831 млн. га сельскохозяйственных угодий засолены, и по прогнозам, к 2050 году этот процесс затронет более 50% возделываемых территорий. Как известно, в условиях солевого стресса замедляется рост растений, нарушается водный статус и ионный гомеостаз, сокращается площадь ассимиляционной поверхности, снижается продуктивность сельскохозяйственных культур. Из-за засоленности почв, на которых высевается хлопчатник ежегодные потери урожая стали превышать миллионы тонн сельскохозяйственной продукции [1].

В связи с этим исследование потенциала уже новых сортов сельскохозяйственных культур на солеустойчивость имеет большое практическое значение для получения устойчивого урожая [2]. Одним из индикаторов метаболизма растений, подвергнутых стрессовым условиям,



является свободный пролин (Про) – аминокислота, которая важна, так как является структурный компонент белков. Вторым индикатором нами выбрана эндогенная салициловая кислота (СК). СК - важнейший фитогормон, отвечающий за регуляцию иммунитета растений. Она также необходима для приспособления растений к действию различных негативных абиотических факторов, эндогенный регулятор роста и развития растений фенольной природы., который оказывает влияние и на продуктивность растений [3].

В связи с этим, при постановке задачи выявления степени устойчивости биотехнологических сортов хлопчатника при модельных исследованиях показателей протеома и метаболома в условиях соленого стресса, нами были проведены измерения про и СК в листьях проростков хлопчатника на ранней стадии развития. Нами были созданы условия солевого стресса: семена сорта Порлок-4 высеяны в горшки со стандартным грунтом и соблюдением дренажа. После появления всходов произведен обычный полив, а когда на проростках начали формироваться 3-4 листочки, производился полив раствором NaCl в концентрациях 100, 150 и 200 мМ. Эксперимент выполнен в 4-х повторностях для каждого варианта.

Результаты исследований показали, что при повышении концентрации NaCl до 200 мМ не наблюдается значительного изменения биологического развития растений. В целом, все образцы показали изменения содержания Про ( $0,52 \pm 0,17$  мкг/г,  $0,77 \pm 0,16$  мкг/г и  $1,22 \pm 0,36$  мкг/г против  $0,36 \pm 0,04$  мкг/г - в контрольном варианте) и СК ( $0,923$  мкг/мл,  $1,145$  мкг/мл и  $2,98$  мкг/мл против  $0,785$  мкг/мл в контрольном варианте), по сравнению с контролем ( $P < 0,01$ )

Таким образом, полученные данные свидетельствуют о присутствии у биотехнологического сорта Порлок-4 приспособительного к такому виду абиотического стресса потенциале. Исследования продолжаются с целью



выявления механизма данного свойства на уровне функциональности антиоксидантной системы хлопчатника.

## ПОИСК ОРТОЛОГОВ ГЕНОВ БИОСИНТЕЗА АРТЕМИЗИНИНА В ГЕНОМАХ НЕКОТОРЫХ ВИДОВ РАСТЕНИЙ

Имамходжаева<sup>1</sup> А.С., Рахманов<sup>1</sup> Б., Усманов<sup>1</sup> Д.Э., Мамаджанов<sup>2</sup> А.,  
Буриев<sup>1</sup> З.Т.

<sup>1</sup> Центр Геномики и биоинформатики АН РУз  
111215, Узбекистан, Таш. обл., Кибрайский р-н, ул. Университетская, д. 2.  
<sup>2</sup> Институт Биофизики и Биохимии при НУУз им. М.Улугбека  
100174 Узбекистан, Ташкент, Студенческий городок, 174  
iazadaxan@gmail.com

В настоящее время биотехнология активно привлекается для технологии производства лекарств, открывая принципиально новые возможности. Согласно востребованности, на рынке актуальным является разработки биотехнологии получения артемизинина. Базой для этого является поиск ортологов некоторых генов полыни, приводящих к синтезу артемизинина.

Большой интерес представляет выявления у хлопчатника генов и, соответственно, метаболитов аналогичных полыни. Артемизинин – это сесквитерпеноидный лактон, продуцируемый в надземной части (н/ч) растения *Artemisia annua*, а именно в клетках трихом. Сесквитерпеноиды играют важную роль в прямой или косвенной защите растений от насекомых-вредителей. Таким образом такие вещества присутствуют в растения, активно защищающихся от агрессии насекомых. К таким растениям относятся и хлопчатник. Проведя биоинформатический поиск на предмет наличия генов биосинтеза артемизинина в геноме хлопчатника, были получены данные о присутствии генов фарнезилпирофос-фатсинтазы (FPS).



FPS катализируют биосинтез фарнезилпирофосфата, который является ключевым предшественником фарнезола и (E)- $\beta$ -фарнезина. Китайскими учёными были гетерологически клонированы и функционально охарактеризованы два гена FPS у *Gossypium hirsutum*, GhFPS 1 и GhFPS2 [1]. На основе полученных аминокислотных последовательностей GhFPS1-2 и других FPS различных организмов, включая грибы, растения, животные и бактерии, этими учеными было построено филогенетическое дерево.

По результатам поиска вспомогательных генов биохимических процессов клеток хлопчатника, которые могли бы послужить предшественниками в синтезе артемизинина в геноме *G. hirsutum* оказалось, что эти гены показали сходство FPS2 (78%) с генами полыни. Использование программного обеспечения для биоинформатики SnapGene из базы данных генов NCBI была загружена нуклеотидные последовательность FPS2 из генома хлопчатника *G. hirsutum*

#### Нуклеотидная последовательность гена G.h.FPS2

```
ATGGCGGATCTCAGGTCAGCATTTCTCAATGTGTATCCCAAGCTCAAATCGGAGCTCCTTCAGGATCCTTCT
TTCGAGTTTACCGATGATTCTCGTCAATGGGTTGAACGGATGCTGGACTACAATGTGCCTGGAGGGAAACT
GAATCGTGGACTCTCTGTGATTGATAGCTACCGCCTGTTGAAAGATGGAAAGGAATTGACCCAAGATGAG
ATTTTTCTTACAAGTGCCTCGGTTGGTGTATTGAATGGCTTCAGGCATATTTTCTTGTCTTGATGACATC
ATGGACAGCTCTCACACCCGGCGTGGCCAGCCTTGTGGTTTAGATTGCCGAAGGTTGGTATGATTGCTGT
AAATGACGGTGTATACTTCGCAATCACATCACCAGGATTCTCAAAAATCACTTTCTGTTGGGAAACSTTACT
ATGTGGATCTGCTAGATTTATTTAATGAGGTGGAGTTTCAAACAGCTTCAGGACAGATGATAGATCTGATT
ACAACACTTGAAGGAGAAAAGGATCTATCCAAATACTCATTGCAACAGCACCGTTCGCAATTGTTCAGTACA
AGACTGCCTATTATTCATTTTATCTTCCTGTTGCGTGTGCACTGGTTATGTGTGGTGA AAAATCTTGACAACC
ACATCGATGTAAGAACATTTCTTGTGACATGGGAATCTACTTTCAAGTACAGGATGACTATTTGGATTGC
TTTGGCAATCCTGAGACCATTGGTAAGATTGGAACCTGATATTGAAGATTTTAAGTGTCTTGGTTGGTGGT
TAAAGCTTTGGAAATCTGTAATGAGGAGCAGAAGAAAGTGTATATGAGA AACTATGGGAAACCAGACCCT
GCCAATGTTGCTAAAGTGAAGGCTCTATACAATGAGCTTAATCTCAAGGGCGTATTTGAGGACTACGAAA
GCAAGAGCTATGAGAGGCTCGTAACCTCAATTGAAGCTCATCCTAGCAAACCAGTGCAAGCAGTGTTGAA
GTCATTCTTAGGGAAGATCTACAAGAGGCAGAAATAG
```

Оказалось, что продукты экспрессии гена GhFPS участвуют в биосинтезе фарнезола и играют решающую роль в косвенной защите хлопчатника от заражения тлей.



## CHROMATOGRAPHIC SEPARATION OF SWEET RECOMBINANT BRAZZEIN PROTEIN FOR PATIENTS WITH DIABETES

Razzokova R.B.<sup>1</sup>, Shukurov Sh.B.<sup>1</sup>, Muminov M.I.<sup>1</sup>, Davlatboyeva U.A.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Center for Advanced Technologies, Tashkent, Uzbekistan

<sup>2</sup>National University of Uzbekistan named after M. Ulugbek, Tashkent, Uzbekistan  
rizzoqova4601@gmail.com

The fact that 537 million people worldwide are suffering from diabetes and the death rate is 1.5 million per year promotes not only the development of treatment measures against this disease but also the issues of harmless organization of the diet of patients. This encourages us to consider alternatives to replace sugar. A protein 2000 times sweeter than normal sucrose - Brazzein - was selected for recombinant development from the plant *Pentadiplandra Brazzeana Baillon*, which is consumed by the peoples of West Africa. Brazzein's resistance to high temperatures and the fact that it retains its properties in a wide range of pH indicate that it is the most suitable candidate among other sweet proteins. The recombinant protein synthesis and purification stage was seen as the main issue of not increasing its price and not losing its activity. Targeting 21 types of signal peptides to the periplasm helped to isolate a relatively pure protein and reduce the purification step.

The presence of differently charged proteins in the sample is a major challenge in purification. Therefore, affinity chromatography was chosen for purification. The presence of 6 His-tags in the tail of the protein ensures the binding of Brazzein to the Ni chain. In order to avoid charge exchange, 50 mM Tris-HCl, and 300 mM NaCl pH-8 buffer were selected when the column was ready. In this case, the charges become insignificant due to the blocking of the charges in the column by the ions contained in the buffer. The sample was filtered. An appropriate amount of 50 mM Tris-Cl, 300 mM NaCl, 5 mM imidazole pH-8 buffer was used to perform the washing step, and the non-target proteins were precipitated. This helped to get the intended protein relatively





clean. A relatively high concentration solution of imidazole, 50 mM Tris-HCl, 300 mM NaCl, and 250 mM imidazole pH-8, was used to elute the target protein from the column. Samples were taken from each stage and it was determined that there was no Brazzein in it.

Since Tris buffer was used to osmotically shock the cell, the cell was primed in this buffer. After each step, 20 µl of filtrates collected in a container were examined by protein phoresis and Western Blotting methods. It was found that there was no loss in the washing step, and in the last step, the target proteins were completely removed from the column through a buffer with a concentration of 250 mM of imidazole.

## **ИЗУЧЕНИЕ ЭКСПРЕССИИ *SOS* ГЕНОВ У МЕСТНЫХ СОРТОВ ХЛОПЧАТНИКА**

Г.Ф.Маматкулова, В.С.Камбурова, И.Б.Салахутдинов, Д.Э.Усмонов, Ф.С. Раджапов, Ш.С.Абдукаримов

Центр Геномики и биоинформатики АН РУз  
gavharmf0@mail.ru

Известно, что хлопчатник является одним из важнейших растений в сельском хозяйстве. В настоящее время созданы сорта хлопчатника с высококачественными сельскохозяйственными признаками. Однако не все высокоурожайные сорта могут расти и развиваться в засоленных средах. В этом случае возникает вопрос, почему некоторые сорта устойчивы к засолению, а некоторые сорта неустойчивы. Чтобы ответить на вопрос о том, какие гены участвуют в устойчивости к засоленному стрессу, мы изучили несколько генов, участвующих в развитии устойчивости растений к засолению. По сведениям, представленным в литературе, среди генов реагирующих на солевой стресс, семейство генов *SOS* играет ключевую роль в поддержании ионного гомеостаза и участвует в солеустойчивости. *Wu et al.* (1996) провели скрининг мутантов для



изучения гиперчувствительности арабидопсиса к солевому стрессу. В результате этого скрининга у арабидопсиса были идентифицированы три SOS гена (Salt Overlay Sensitive): *SOS1*, *SOS2* и *SOS3*. У мутантных растений, у которых наблюдалось подавление синтеза белка *AtSOS1*, были высокочувствительны к NaCl стрессу и становились неустойчивыми к засолению. Напротив, при оверэкспрессии гена *AtSOS1* у арабидопсиса наблюдается значительное повышение толерантности к засолению. Цель нашего исследования – определить, в какой степени гены *SOS 1, 2, 3* экспрессируются у местных сортов хлопчатника, действительно ли сорта с высокой экспрессией являются солеустойчивыми и коррелируют ли результаты экспрессии с полученными фенотипическими признаками. В ходе исследований было отобрано более 20 местных сортов хлопчатника, распространенных на территории нашей республики, на них обработанных 200 мМ раствором NaCl, и после 72-часового стрессового воздействия взяты образцы листьев и корней растений, из них выделена РНК. Реакцию проводили с помощью праймеров-зондов, специально разработанных для реакции RT-пцр. В настоящее время анализируются результаты.

## OMIC SCIENCES AND GASTRONOMY

Lykholat O.A<sup>1</sup>., Vyshnikina O.V.<sup>1</sup>, Lykholat T.Y.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>University of Customs and Finance, Dnipro, Ukraine

<sup>2</sup>Oles Honchar Dnipro National University, Dnipro, Ukraine  
Lykholat2010@ukr.net

Both nutrigenetics and nutrigenomics are disciplines that are part of food genomics, which in its broadest sense provides a framework for the integration of various omics with food and nutrition sciences. This new discipline seeks to consider individual characteristics to provide the best diet to prevent or treat disease.



During the last half of the 20th century, the science of rational and functional nutrition developed rapidly. Nutritional needs were established for different population groups, grouped by sex, age and physiological conditions. However, despite vast knowledge about food, undernutrition due to nutrient deficiencies (protein-energy malnutrition and micronutrient deficiencies) and nutrient excess (overweight and obesity) continues to be a critical burden and challenge for many countries. According to the WHO, 2/3 of cases of non-communicable diseases are of alimentary origin. Although there are dietary guidelines and general guidelines for nutrient intake, people respond differently to the intake of nutrients. Indeed, a person's response to food and nutrients is the result of the interaction of a number of metabolic, genetic, environmental and social factors.

Gastronomy and omic sciences have a great impact on the present and future of the population's habitual food consumption. Nutrition is a modifiable key factor capable of interacting with both the genome and the epigenome to influence human health. In particular, specific genetic variants can influence responses to dietary components and nutrient requirements, and conversely, the diet itself can modulate gene expression.

Ohmic markers are considered important for nutrition personalization. There are many foods, nutrients, and diets that have been studied in nutrigenetics and nutrigenomics, such as the Mediterranean diet. Despite the heterogeneity in the definition of the Mediterranean diet, there are various studies that show that the Mediterranean diet can interact with the genome, therefore reducing the risk of disease in the most genetically susceptible people. Likewise, several recent studies have identified mechanisms by which the Mediterranean diet may exert this protective effect. Understanding genetic susceptibility, epigenetic mechanisms, the influence of the metabolome and other omics in more detail may be important in gastronomy, understood as the practice of food selection, preparation and consumption. This omic



influence can be detected not only in health phenotypes but also in the perception of the taste and smell of food and preferences for certain dishes. Taken together, this can help increase enjoyment while maintaining a healthy diet.

Currently, there is a vague definition of a functional food, to which components are added, removed, replaced, concentrated, or the bioavailability of some components is increased. Along with them, so-called "superfoods" appeared. The interaction between science, technology and cuisine allows for the development of new methods that, in addition to obtaining safe products, are able to change the properties of food, offer new solutions for consumers, combining organoleptic and nutritional value with innovation.

Genomic technologies also contribute to the improvement of food processing, food safety and quality assurance, as well as the development of functional foods and the development of new health management concepts such as "personalized nutrition". These new fields of science, called "nutrigenomics" and "nutrigenetics" respectively, are increasing our fundamental knowledge of the interaction between life processes and our diet or specific components of it, which may eventually lead to the development of new functional foods to improve health. of the general population and the formulation of personalized diets to prevent the occurrence of nutritional disorders associated with genetic predisposition of people. A paradigm is emerging in which a person's diet is adjusted based on their own genomic information to optimize health and prevent disease. This scientific field can provide economic benefits and improve human nutrition and health.

Developments in nutrigenomics facilitate new product formats, personalization and access to niche markets. A very large percentage of the population eats at least one meal outside the home, and this dietary exposure persists over a long period of time. Food production, food industry and food distribution (including hotels and restaurants,



HORECA chain) are of great importance in the supply of food and drink, its composition and suitability in terms of quantity, quality and price. Based on this food availability, the consumer will build a shopping basket and will choose the food in many cases, taking into account price, comfort, perception and even its potential health effects. The omics sciences may gain great importance in the near future by clarifying the configuration of precision nutrition and stimulating the study of new foods and components that contribute to improved health, better functionality, and longer life without loss of performance.

In an operational sense, the transition from nutrition to health requires a transition from a defensive strategy, oriented to the market, to offensive strategies that develop the market, resulting in the improvement of processes in food production, as well as promoting the introduction of innovative technologies in the food industry and optimization of food safety.

## **ДНК-МАРКЕРЫ ДЛЯ ОЦЕНКИ ВИДОВОГО РАЗНООБРАЗИЯ *LAMIACEAE* ВО ФЛОРЕ УЗБЕКИСТАНА**

Никитина Е.В.<sup>1</sup>, Савина Н.В.<sup>2</sup>, Кубрак С.В.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Институт ботаники АНРУз, Ташкент, Дурмон йули, 32

<sup>2</sup>Институт генетики и цитологии НАН Республики Беларусь, Минск  
elenanikita2013@rambler.ru

Важность инвентаризации дикорастущих видов *Lamiaceae* обусловлена необходимостью оценки видового разнообразия некоторых родов семейства на основе классических методов и ДНК-штрихкодирования. На территории Узбекистана произрастают представители четырех подсемейств: *Nepetoideae* (Dumortier) Lueresen, *Lamioideae* Harley, *Scutellarioideae* (Dumortier) Caruel, *Ajugoideae* Kostel. Цель нашего исследования – молекулярно-генетическая инвентаризация дикорастущих видов семейства *Lamiaceae* флоры Узбекистана с



помощью комбинации ДНК маркеров. В работе использованы пластидные маркеры *rbcL*, *matK*, *trnL-trnF*, *psbA-trnH* и один маркер ядерной последовательности *ITS*. С целью максимальной эффективности идентификации и высокой достоверности результатов, для всех видов выполнено 3-4-х локусное генотипирование. Данное исследование является началом изучения флоры Узбекистана методом ДНК-штрихкодирования, включающим в себя секвенирование филогенетически значимых последовательностей.

Тотальная ДНК из растительного материала (как свежего, так и гербарного) была выделена с помощью набора *GeneJET Plant Genomic DNA Purification Kit* (Thermo Scientific, США) в соответствии с протоколом производителя. Выбранные участки амплифицировали с использованием 2X PCR Taq Plus MasterMix с красителем (*Applied Biological Materials Inc.*, Канада). ПЦР-амплификацию проводили в термоциклере *C1000 Touch Thermal Cycler (BioRad, USA)*, с наборами соответствующих прямых и обратных праймеров для получения последовательностей нужных генов:

*ITS1\_F* 5'-TCCGTAGGTGAACCTGCGG-3',  
*ITS4\_R* 5'-TCCTCCGCTTATTGATATGC-3',  
*matK-390F* 5'-CGATCTATTTCATTCAATATTTTC-3',  
*matK-1326R* 5'-TCTAGCACACGAAAGTCGAAGT-3',  
*psbA3\_F* 5'-GTTATGCATGAACGTAATGCTC-3'  
*trnHf\_05* 5'-CGCGCATGGTGGATTCAACAATCC-3',  
*trnL-F\_F* 5'-CGAAATCGGTAGACGCTACG-3',  
*trnL-F\_R* 5'-ATTTGAACTGGTGACACGAG-3',  
*rbcLaF* 5'-ATGTCACCACAAACAGAGACTAAAGC-3',  
*rbcLaR* 5'-GTAAAATCAAGTCCACCGCG-3'.

Условия ПЦР были оптимизированы.



За время работы определены и депонированы в международную базу данных GenBank ([ncbi.nlm.nih.gov](http://ncbi.nlm.nih.gov)) 136 нуклеотидные последовательности с присвоением ID номеров, для 49 видов сем. *Lamiaceae*. Уровень видового разнообразия семейства *Lamiaceae* во флоре Узбекистана оценивали с помощью консенсусных последовательностей филогенетически значимого хлоропластного маркера *matK*. На основании полученных данных был проведен филогенетический анализ.

Иерархическая кластеризация показала генетическое разделение семейства *Lamiaceae* на 3 сильно поддерживаемых, достоверно различающихся кластера с высоким значением Bootstrap. Пять родов *Salvia* L., *Dracocephalum* L., *Nepeta* L., *Ziziphora* L., *Lallemantia* Fisch. et C.A. Mey. образуют первый кластер подсемейства *Nepetoideae*. Представители родов *Otostegia* Benth., *Eremostachys* Bunge, *Phlomoides* Moench, *Phlomis* L., *Leonurus* L., *Lagochilus* Bunge ex Benth. сгруппированы во второй кластер подсемейства *Lamioideae*. Молекулярно-филогенетический анализ род *Scutellaria* L. разместил в подсемейство *Scutellarioideae*. При этом установлен монофилетичный статус семейства и представленных в исследовании подсемейств.

Таким образом, результаты наших исследований демонстрируют эффективность использования ДНК-штрихкодирования в качестве инструмента для оценки видового разнообразия флоры Узбекистана.



## **БИОИНФОРМАТИЧЕСКИЙ МЕТОД ПРОВЕРКИ РАБОТОСПОСОБНОСТИ KASP-МАРКЕРОВ УСТОЙЧИВОСТИ К БИОТИЧЕСКИМ И АБИОТИЧЕСКИМ ФАКТОРАМ СРЕДЫ**

Никитина Е.А.

Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной биотехнологии  
shhket@gmail.com

KASP-маркеры (Kompetitive allele specific PCR) широко используются в генотипировании сельскохозяйственных растений, в том числе мягкой пшеницы. Технология KASP основана на конкурентном взаимодействии праймеров, подобранных 3' концом на SNP, с помощью которого можно достоверно различить два аллеля гена. Для проведения генотипирования с помощью KASP-маркеров необходим real-time амплификатор с несколькими цветовыми каналами считывания сигнала: каждому аллелю соответствует FRET-кассета со своей длиной волны испускаемого сигнала. В результате прохождения ПЦР сигнал будет испускаться только одного цвета (гомозигота) или двух (гетерозигота). В данной работе мы отобрали из литературных источников и баз данных KASP-маркеров пшеницы 12 маркеров устойчивости к болезням или факторам среды (Lr14a, Sr2, Sr36, Yr15, Lr34, Lr34\_1, Lr34\_2, Lr68, DreB-1, Fhb1, Fhb1\_1, Fhb1\_2). Для проверки их работоспособности использовались полногеномные похромосомные сборки мягкой пшеницы из проекта 10+ Wheat Genomes, на которые выравнивались последовательности праймеров отобранных KASP-маркеров. Для дальнейшей фильтрации результатов использовался собственный пайплайн. Визуальная оценка проводилась в программе GeneDoc.

В результате проверки было выявлено, что 4 из 11 проанализированных маркеров не отвечают требованиям к праймерам. Обнаружено, что некоторые праймеры выравниваются не только на целевые локусы (Sr2, Lr34\_1, Fhb1);





праймеры на маркер Lr14a подобраны на полиморфный участок, в результате чего ожидается отсутствие амплификации в части образцов. Выявленные проблемы гипотетически могут приводить к неточной кластеризации образцов, что в последствии приведет к ошибочному генотипированию и неверной интерпретации результатов.

Работа выполнена при поддержке гранта РФФИ 21-16-00121

## **O'SIMLIKLAR - ATMOSFERADAGI CO<sub>2</sub> GAZINI O`ZLASHTIRISHDA ENG SAMARALI VOSITA**

Abdug`afforov A, Usmanov D. E, Abdukarimov Sh. S, Sobirov B.M, Shermatov Sh.E, Buriev Z.T, Abdurahmonov I.Y.

Genomika va bioinformatika markazi.  
azamatabdugafforov86@gmail.com

Yer yuzida sanoat rivojlanishining jadalligi atmosferaga katta miqdorda CO<sub>2</sub> gazini chiqishiga sabab bo`lmoqda. Bu esa atmosferada issiqxona muhitini yuzaga keltirmoqda. Agar rivojlanish shu yo`sida davom etsa, 2100 yilga kelib havo xarorati 1.5 °C dan 5 °C ga ko`tarilishi mumkin. Bu esa atmosferada yashovchi organizmlarga jiddiy ta'sir ko`rsatadi. Shuning uchun dunyo olimlari atmosferada mavjud gazlarni tozalashda turli xil texnologiyalardan foydalanmoqdalar. Ular ichida eng maqbuli bu o`simliklar hisoblanmoqda. Malumki o`simliklar vegetatsiya davrida fotosintez jarayoni yordamida atmosferadan 100 gigatonnadan ortiq uglerodni yutadi. Biroq bu uglerodning aksariyat qismi, inson va hayvonlar tomonidan iste'mol qilinishi shuningdek bakteriyalar va zamburug'lar tomonidan parchalanishi oqibatida CO<sub>2</sub> ning katta qismi havoga qayta chiqariladi. O`simliklar tomonidan o`zlashtirilgan CO<sub>2</sub> gazini tuproqda qolishi, ularning ildiz tizimida mavjud suberin moddasi bilan bog`liq. Tadqiqotlarga ko'ra, suberin moddasi tuproqdagi uglerodning eng barqaror shakllaridan



biri hisoblanib, atmosferadagi uglerod suberin shaklida tuproqqa so'riladi va u tuproqda saqlanib qoladi. Tuproqda saqlanib qolgan CO<sub>2</sub> tuproqni uglerod bilan boyishiga va uni unumdor bo'lishiga xizmat qiladi.

Suberin moddasini ildiz tizimida ko'paytirishda dunyo olimlari tomonidan bir qancha genlar *fatty acid elongation (FAE)*, *β-Ketoacyl-CoA synthases (KCS2 va KCS20)*, *hydroxylases HORST (CYP86A1)*, *RALPH (CYP86B1)* va transkriptom omillar *MYB41*, *MYB9*, *MYB107*, *StNAC103*, *ANAC058* bilan bog'liqligi aniqlangan.

Shunga ko'ra tadqiqotlarimizning maqsadi, o'simliklar biotexnologiyasi va gen muxandisligi yordamida g'ozga o'simligi ildizida suberin moddasini yig'ilishida ishtirok etuvchi genlarni o'rganilgan o'simliklarga taqqoslab o'rganish va buning asosida ildizlari baquvvat va ko'proq suberin moddasini to'plovchi transformant o'simliklar olishdan iboratdir. Hozirda model o'simliklar genomida aniqlangan suberinga javobgar genlarni g'ozga genomiga solishtirma bioinformatik taxlil ishlari olib borilmoqda.

### ***FAR1-RELATED SEQUENCE (FRS) GENLAR OILASI VA ULARNING O'SIMLIKlardagi funksiyasi***

Sharifjonov A.A.<sup>1,2</sup>, Usmanov D.E.<sup>1</sup>, Sobirov B.M.<sup>1</sup>, Abdukarimov Sh.<sup>1</sup>, Raxmanov B.<sup>1</sup>, Butayev M.I.<sup>1,2</sup>, Allayev O.U.<sup>1,2</sup>.

<sup>1</sup>O'zR FA Genomika va bioinformatika markazi.

<sup>2</sup>O'zbekiston Milliy Universiteti  
abrorbeksharifjonov9@gmail.com

O'simliklar vegetatsiyasi davrida yorug'lik ta'siri ostida rivojlanadi. O'simliklarda yorug'likni sezuvchi va unga javob qaytaruvchi mexanizmlar bo'lib, ularni fotoretseptor genlar oilasi boshqaradi. O'simlik fotoretseptorlar oilasi yaxshi o'rganilgan bo'lib, ularning o'simlikdagi funksiyalari aniqlangan. Ulardan fitoxromlar, kriptoxromlar, fototropinlar ko'p o'rganilgan fotoretseptorlar hisoblanadi. Bu genlar



oilasi asosiy hisoblanib, bu gen ostida rivojlanuvchi genlar ham mavjud. Shunday genlar oilasidan biri bu *FARI-RELATED SEQUENCE (FRS)* hisoblanadi. FRS genlar oilasi 12 ta vakildan tashkil topgan bo'lib, o'simlikdagi vazifasi jihatidan bir-biridan farq qiladi. Bu oila vakillari o'simliklarda o'sish va rivojlanishning jadalligi, erta gullash va pishish, gipokotil uzayishi kabi morfofizologik jarayonlarni boshqarishda ishtrok etadi. FRS genlari oilasi vakillari 1000 ga yaqin genlarning promotor qismiga bog'lanib ularning ekspressiyasini boshqarilishida ishtrok etadi. Masalan, Fitoxrom A geniga bog'lanish orqali uning yadrodagi ekspressiyasini kuchaytiradi. Bu genlar oilasi vakillarining funksiyasi *A.thaliana* o'simligida yaxshi o'rganilgan. *FRS12* va *FRS7* genlari funksiyasini pasayishi *A.thaliana* o'simligida erta gullash, gipokotil uzayishi hamda hosildorlik ko'rsatkichini oshishi bilan baholangan. Bundan tashqari bu genlar ekspressiyasining pasayishi *GIGANTEA* va *PHYTOCHROME INTERACTING FACTOR 4 (PIF4)* genlar ekspressiyasini oshishini ko'rsatgan. *FRS9* geni funksiyasini pasayishi mutant o'simliklarda antotsianin moddasini yig'ilishi va gipokotil qisqarishini keltirib chiqargan. *FRS6* va *FRS8* genlarini nakoutga uchratilishi natijasida *RNKi* o'simliklari qisqa va uzun kunda erta gullash fenotipini namoyon qilgan. Bu genlar oilasi vakillari juda kam sonli o'simliklar turlarida o'rganilganligi, ushbu genlar funksiyasini boshqa ekinlar turida o'rganish kerakligini ko'rsatadi.

Yuqorida keltirilgan ma'lumotlardan shuni xulosa qilish mumkinki, ushbu gen oilasi vakillarining o'simliklardagi funksiyasini pasayishi o'simliklarda erta gullash va gipokotil uzayishi kabi fenotiplarni namoyon etgan. Biz ushbu xulosamizdan kelib chiqib *FRS* genlar oilasi vakillarini funksiyasini g'o'za o'simligida *VIGS* texnologiyasi yordamida o'rganishga qaror qildik. Ushbu ish bo'yicha g'o'za genomidan *FRS* genlar oilasi vakillarini bioinformatik taxlil qilish ishlarini olib bormoqdamiz.



## ЭКСПРЕССИЯ ГЕНОВ КОМПОНЕНТОВ ТЕЛОМЕРАЗНОГО КОМПЛЕКСА КРЫСЫ

Якубов И.Т., Бердиева Л.О.

Национальный Университет Узбекистана имени Мирзо Улугбека  
iskandar2014a@gmail.com

Канонические ДНК-полимеразы, участвующие в репликации генома, неспособны полностью воспроизвести физические концы линейных хромосом, называемые теломерами. Таким образом, хромосомные концы укорачиваются в каждом клеточном цикле.

Для поддержания теломер требуется теломераза — специфический РНК-зависимый ферментный комплекс ДНК-полимеразы, который несет свою собственную матрицу РНК и добавляет теломерные повторы к концам хромосом, используя механизм обратной транскрипции. Обе основные субъединицы теломеразы — каталитическая теломеразная обратная транскриптаза (TERT) и компонент теломеразной РНК (TR) — были идентифицированы в различных организмах, включая дрожжи, млекопитающих, птиц, рептилий и рыб. Несмотря на то, что теломеразная активность у растений была описана 25 лет назад, а субъединица TERT — четыре года спустя, настоящий растительный TR был идентифицирован лишь недавно [1].

Большинство типов первичного рака проявляют активацию теломеразы, которая обеспечивает неконтролируемую пролиферацию клеток. Предыдущие исследования показывают, что активация TERT также влияет на развитие рака за счет активности, отличной от канонической функции опосредования удлинения теломер [2-3].

Недавние исследования улучшили понимание структуры и функции теломер и теломеразы, а также ключевых механизмов, лежащих в основе активации TERT, и ее роли в онкогенезе. Эти достижения привели к поиску препаратов, ингибирующих теломеразу, в качестве мишени для лечения рака.

Целью настоящей работы была изучение экспрессии генов компонентов теломеразного комплекса крысы.

База данных транскриптом желудка крысы (база данных Национального центра биотехнологической информации (NCBI) Gene Expression Omnibus получали под номерами доступа GPL1439, GSM30415, GSM30416, GSM30417,



GSE3518, GSM80287, GSM80288). В работе база данных использованы для оценки уровней экспрессия генов, а также соотношение уровней очищенных и общих эпителиальных клетках желудка крысы. Биоинформатический анализ транскриптом различных органов крысы, очищенных париетальных и ECL клеток проводили с помощью программы GeneSpring и Excel 2013. Данные о нуклеотидной последовательности и аминокислотной последовательности белка, а также о доменах исследуемых белков были получены с сайта NCBI. Последовательности ферментов человека, мыши и крысы сравнивали с использованием программного пакета BLAST (Basic Local Alignment Search Tool).

Ранее с помощью метода олигонуклеотид микрочип анализа желудка крысы был обнаружен, что в транскриптоме желудка содержится транскрипты компонентов теломеразного комплекса. Сравнение экспрессии генов этих компонентов в различных органах крысы, в частности, желудке, сердце и 12-ти перстном кишке показало, что наивысшие уровни экспрессии генов в желдке показали Nop10p (Nucleolar protein family A, member 3), dyskerin (Dkc1), RAS related protein 1b (Rap1b) и telomerase associated protein 1 (Tep1). Интенсивность этих транскриптов составили  $18766 \pm 2165$ ,  $11857 \pm 1315$ ,  $14089 \pm 2082$  и  $9349 \pm 1017$ , соответственно. Для этих генов в других органах имеются несущественные различия в экспрессии генов. Наименьшее уровни экспрессии наблюдается в similar to POT1-like telomere end-binding protein; protection of telomeres 1 и telomerase catalytic subunit mRNA, partial cds ( $530 \pm 41$  и  $528 \pm 77$ ), соответственно.

Полученные результаты транскриптов теломеразного комплекса теломеры с помощью олигонуклеотид микрочип анализа будут подтверждены проведением количественной полимеразной цепной реакции.

Дальнейшие исследования экспрессии белков в различных органах позволяет выяснить функции этих белков в нормальных и патологических процессах протекающих в желудочно-кишечном тракте.



## **KALAMUSH OSHQOZONI HUYAYRALARIDA DNK VA GISTON OQSILLARINING METILLANISH VA DEMETILLANISH FERMENTLARINING GEN EKSPRESSIYASINI O'RGANISH**

Yakubov I.T., Yusufjonova J.M.

Mirzo Ulug'bek nomidagi O'zbekiston Milliy Universiteti  
iskandar2014a@gmail.com

Oshqozon epiteliya hujayralarida yangi genlarni transkriptomika usullar bilan o'rganish ularning funksiyalarini aniqlashga va oshqozon-ichak kasalliklarini tashxislash va davolashning yangi usullarini ishlab chiqishga imkon beradi. Hozirgacha oshqozon hujayralarida ko'pchilik genlarning funksiyalari noma'lum bo'lib qolmoqda edi. Ushbu ishning maqsadi kalamush oshqozonining turli hujayralarida giston metillanishi va demetillanishi fermentlari genlarining ekspressiyasini o'rganishdan iborat.

GeneSpring va Excel 2013 dasturlari yordamida kalamushlarning turli organlari transkriptomlarining bioinformatsion tahlili amalga oshirildi. Oshqozonda noma'lum genlarning ekspressiyasini aniqlash uchun oshqozon oligonukleotid mikrochiplarini tahlil ma'lumotlar bazasidan foydalanildi. Har bir transkript BLAST dasturi yordamida mikrochip bilan bog'langan zondlarning nukleotidlar ketma-ketligini taqqoslash orqali aniqlandi.

Ilgari, Los-Anjelesdagi Kaliforniya universiteti olimlari bilan birgalikda oligonukleotid mikrochiplarini tahlil qilish usuli yordamida kalamushning oshqozon hujayralarining 41372 dan ortiq transkriptlari aniqlangandi. Ulardan 37698 (91,12%) transkriptning funksiyalari ma'lum bo'lgan, taxminan 3676 (9,88%) genning funksiyalari esa noma'lum bo'lib qolayotgandi. BLAST-nucleotide dasturi yordamida kalamush oshqozon transkriptomidagi 3676 ta noma'lum transkriptning 2725 genining nomlari va sistematik raqamlari (74,13%) aniqlandi. Shu bilan birga, genlarining 948 (25,87%) nomlari noma'lum bo'lib qoldi.



Aniqlangan genlar bir necha guruhga bo'lingan: fermentlar, kodlanmaydigan RNK lar, ribosoma va mitoxondriya oqsillari, rux bilan bog'lovchi domen tutgan oqsillari, onkogen oqsillari, retseptorlar, sitoskelet oqsillari, giston metillanishi va demetillanishi fermentlari va boshqalarni o'z ichiga oladi.

Birinchi marta biz quyidagi fermentlarning gen ekspressiya darajalarini aniqladik: lizin demetilaza 1b (Kdm1b), lizin demetilaza 2a (Kdm2a), lizin demetilaza 4B (Kdm4b), metiltransferaza o'xshash 11B (Mettl11b), RB bilan bog'lanadigan oqsil 5, giston lizin-metiltransferaza kompleksining subbirliklari (Rbbp5), metilsitozin dioksidgenaza Tet3).

Tadqiqot natijalari shuni ko'rsatdiki, turli lizin demetilaza izoformalari turli darajalarda gen ekspressiyalarini ko'rsatdi. Gen ekspressiyasining eng yuqori darajalari 1B va 4b izoformlarida qayd etildi (mos ravishda  $8299 \pm 1493$  va  $7448 \pm 1266$ ), shu bilan birga 2a izoformida ekspressiyaning past darajalari ( $1543 \pm 200$ ) ko'rsatilgan. Darajalarning nisbati gen yuqori darajada tozalangan parietal va enterokromaffinga o'xshash hujayralardagi ekspressiya aslida o'zgarmagan.

Shunday qilib, giston metillanishi va demetillanishi fermentlarining genlari, ekspressiya genini nazorat geni – natriy, kaliy-ATPaza bilan solishtirganda, ekspressiya darajasining pastligini ko'rsatdi (taxminan 15-20 baravar kam). Kelajakda kalamush oshqozon gistonlarining metillanishi va demetillanishi fermentlarining genlari va oqsillari ekspressiyasini o'rganish oshqozon-ichak traktining turli patologiyalarida oshqozonda ushbu fermentlarning funktsiyalarini aniqlashga imkon beradi.



## G`O`ZA (*G.hirsutum*) *GH\_SRNA5DPA12* KICHIK RNK SINING NISHON GENINI *IN SILICO* YORDAMIDA ANIQLASH.

Usmanov D. E, Abdukarimov Sh. S, Sobirov B.M, Buriev Z.T, Abdurahmonov I.Y.

Genomika va bioinformatika markazi.  
dilshodusmonov1987@gmail.com

Ma'lumki, 2002 yillar ohirida o`simliklarda mikro RNK (miRNK) larning vazifaini aniqlanishi o`smliklar biotexnologiyada katta burilishlarga sabab bo`ldi. miRNK lar 18-24 nukliotid uzunligidagi kodlanmagan RNK lar sinifiga mansub bo`lib, genlar ekspressiyasini post transripsiya darajasida boshqaradi. miRNKlar hujayrada kechadigan barcha biologik jarayonlarda regulyator ekanligi va genlar ekspressiyasidagi ro`li tufayli 2007 yilga kelib o`simlik miRNKlarini tadqiq etishga katta etibor berildi. mRNK larni miRNK tomonidan nazorat qilinishi o'simlik genlari ekspressiyasining modulyatsiya qilishning o'ziga xos strategiyasini kashf qilinishiga imkon beradi, shuningdek, qishloq xo'jaligi ekinlarining, xususan, *Gossypium* turlarining ba'zi vakillarining agrotexnik xususiyatlarini yaxshilashga imkon beradi. Paxta muhim qishloq xo'jaligi ekinlaridan biri bo'lganligi sababli ko'plab ilmiy ishlar ertapishar genotiplarni yaratish, tola sifatini yaxshilash, o`simliklarning hosildorligini oshirish, abiotik va biotik omillarga chidamliligini oshirishga qaratilgan. Hozirgi vaqtda paxta tolasini hosil bo'lish bosqichlarida miRNK faolligining molekulyar asoslarini o'rganish, tola sifatini yaxshilashda muhim omillardan bo'lishi mumkin. Bizning tadqiqot obyekti paxta tolasining rivojlanish bosqichlarida aniqlangan kichik RNK *Gh\_sRNA5dpa12* hisoblanadi. kichik RNK *Gh\_sRNA5dpa12* sini Arabidopsis (*A.thaliana*) va diploid (*G.arboreum L.*, *G.raimondii L.*) va tetraploid (*G. hirsutum L.*) genomlariga qiyosiy bioinformatik tahlil o'tkazdik. Taxlil natijalari shuni ko'rsatdiki, kichik RNK *Gh\_sRNA5dpa12* diploid (*G.arboreum L.*, *G.raimondii L.*) va tetraploid (*G. hirsutum L.*) genomidan target qilingan gen o`rganilmaganligini ma`lum bo`ldi. A.





*thaliana* genomiga solishtirish natijasida ushbu kichik RNK ning maqsadli geni *FRS* genlar oilasining vakili *FRS10* ekanligi aniqlandi. *A.t\_FRS10* genini *G.hirsutum* genomiga solishtirish natijasida *G.h\_FRS10* geni nuklotidlar ketma-ketligini aniqladik. Ikkala genom genlarini yani *G.h\_FRS10* va *A.t\_FRS10* solishtirish ular o`rtasidagi o`xshashlik 70,29% da ekanligini ko`rsatdi.

## **ANALYSIS OF PLANT SUBSTANCES SUCH AS ARTEMISININ USING CHROMOTGRAPHY**

Rakhmanov B.K., Imamkhodjaeva A.S., Usmanov D.E., Ubaydullaeva Kh.A., Sobirov B.M., Mirzakhmedov M.H., Juraqulov D.S., Abdugafforov A.T., Shermatov Sh.E., Buriev Z.T., Acad. Abdurakhmonov I.Y.

Center of Genomics and Bioinformatics, AS RUz, Tashkent, Uzbekistan  
bakhtiyor.rakhmanov@gmail.com

Artemisinin is valuable substance extracted naturally only from *Artemisia annua* L. That substance is valuable for its application in medicine to prevent and cure a line of hard diseases causing deaths, such as malaria, various forms of cancer, hepatitis B, COVID-19, and more. Artemisinin content in *Annua* plant is too small, therefore scientists around the world are giving efforts to obtain artemisinin with more quantities in heterological organisms. Thus, purpose of our research is to optimize insertion ways of artemisinin biosynthesis genes into plants and obtain transformants bearing our desired genetic vectors, further to produce artemisinin and /or its related substances. In near future our transformant plants will be analyzed for their synthesized substances and metabolites, for what can be used several chromatographic methods. According to scientific research, designing experiments in collaboration with experts and performing proper data analysis are essential for obtaining accurate research results. Moreover, all desired targets of substances, standards and references, should be collected in the database of appliance. Potential target substances should be examined and controlled



in own database of equipment depending on nature of substances, and their metabolomic pathways. New required compounds can be received from apparatus provider or special developers, e.g., the National Institute of Standards and Technology (NIST), which is helpful for researchers like us and conduct various studies in related field. Currently, we are studying and planning to upgrade the list of our additional target substances for equipment, which may be related to our artemisinin as its precursors, intermediates and derivatives. That would be very helpful to work effectively, saving time and costs in this our laborious and result-oriented studies.

## **A META-ANALYSIS OF VALUABLE ECONOMICAL TRAITS IN *GOSSYPIMUM L.***

Toshpo`latov A.X, Xamroxov`jayev A.X, Umarov R.F, Kushanov F.N

Institute of Genetics and Experimental Biology of Plants  
toshpolatovabduqahhor78@gmail.com

Several loci of the genome influence the manifestation of quantitative traits of material importance in cotton and other agricultural crops, and such positions are called quantitative trait loci - QTLs. In the *Gossypium L.* were identified a lot of QTLs genetically related with fiber length and quality traits, boll weight and number, yield, seed oil and protein content, resistance to various diseases and stresses, and entered into the Cottongen database. The use of meta-QTL analysis can be useful in better understanding the genome-wide distribution of QTLs and in identifying reliable QTLs used in marker-based selection (MAS).

MetaQTL is a suite of software designed to perform meta-analysis of QTL mapping experiments and has been used in recent years to analysis QTLs identified in several crops. For example, M. Gupta et al. (2023), W. Wang et al. (2022) in corn; G.



Joshi et al. (2023), B. Khahani et al. (2021), in rice; D.K. Saini et al. (2022), Binbin Du et al. (2022) in wheat; R. C. Vasconcellos et al. (2017) performed meta-QTL analyzes for QTLs identified in bean.

In the *Gossypium* cotton family, J.I. Said et al. (2013) fiber quality, resistance to drought and various diseases; J.M. Lacape et al. (2010) fiber quality indicators; J. Rong et al. (2007) fiber quality, flower and leaf morphology; A. Abdelraheem et al. (2017) used Meta-QTL analysis to identify chromosomal hotspots of QTLs associated with abiotic and biotic stresses.

In the course of research, about 500 QTLs published in scientific publications were selected in order to perform a meta-analysis for QTLs genetically linked to valuable economical traits identified in the genome of *Gossypium* L. species.

Currently, the data is being analyzed in the BioMercator program. This meta-analysis of QTLs genetically linked to salinity, drought, and other abiotic stresses provides an important basis for further research on cotton breeding and the genetic mechanisms of cotton's abiotic and biotic stress tolerance serves as.

## **РОЛЬ ГЕНОВ SOS В ФОРМИРОВАНИИ СОЛЕУСТОЙЧИВОСТИ РАСТЕНИЙ**

Раджабов Ф.С., Маматкулова Г.Ф., Камбурова В.С., Салахутдинов И.Б.

Центр геномики и биоинформатики АН РУз.  
f.radjapov@yahoo.com

Гомеостаз, т.е. поддержание стабильности внутриклеточных концентраций ионов, является крайне важным фактором для нормального функционирования живых клеток.

Растения также имеют эффективные механизмы регуляции концентрации ионов внутри клеток, которые обеспечивают нормальное развитие. Например,



ген NHX1, ответственный за мембранный вакуолярный  $\text{Na}^+/\text{H}^+$ -антипорт, обеспечивает транспорт  $\text{Na}^+$  из цитоплазмы в вакуолу, что помогает уменьшить концентрацию  $\text{Na}^+$  в цитоплазме. Ген  $\text{K}^+$  канала АКТ1, в свою очередь, контролирует и регулирует поглощение  $\text{K}^+$  и также участвует в регуляции поглощения и транспорта  $\text{Na}^+$ . Ген SOS1 кодирует  $\text{Na}^+/\text{H}^+$  антипортер плазматической мембраны, который необходим для регуляции оттока  $\text{Na}^+$  на клеточном уровне. Особый интерес для нас представляют SOS гены, регулирующие  $\text{Ca}^{2+}$ -зависимый солевой сверхчувствительный (SOS) путь, который играет важную роль в обеспечении солеустойчивости растений.

SOS-путь является ключевым регулятором гомеостаза  $\text{Na}^+/\text{K}^+$  в клетках растений. Он обеспечивается несколькими генами,  $\text{Na}^+/\text{H}^+$ -антипортер плазматической мембраны (SOS1), Ser/Thr протеинкиназу (SOS2) и кальций связывающие белки SOS3 и SCaBP8. SOS-путь активируется при наличии  $\text{Ca}^{2+}$  сигнала, возникающего при солевом стрессе. SOS3 воспринимает  $\text{Ca}^{2+}$  сигнал и образует комплекс SOS3-SOS2, который фосфорилирует и активирует транспортную активность SOS1. Данный SOS1 ген является ключевым для транспорта  $\text{Na}^+$  из цитоплазмы в апопласт, что повышает солеустойчивость растений за счет повышения активности обмена  $\text{Na}^+/\text{H}^+$ . SOS-путь также регулирует активность и других транспортеров, таких как  $\text{K}^+$  и  $\text{Na}^+$  транспортеры. Вакуолярный обменник  $\text{Na}^+/\text{H}^+$  (NHX), вакуолярные  $\text{H}^+$ -АТФазы и пирофосфатазы (PPase), участвующие в ионном гомеостазе, при солевом стрессе, также регулируются посредством этого пути. Таким образом, SOS-путь играет важную роль в поддержании гомеостаза  $\text{Na}^+$  и предотвращении накопления их до токсического уровня.

Регуляция SOS пути осуществляется множеством факторов. Киназная активность SOS2 специфически активируется стимулами солевого стресса, а ее



активность ингибируется несколькими белковыми факторами в нормальных условиях. Эти факторы включают PKS5, 14-3-3 и GIGANTEA (GI). PKS5 ингибирует SOS2, фосфорилируя его по Ser294, а 14-3-3 и GI также ингибируют его киназную активность. Более того белки 14-3-3 функционируют как негативный регулятор PKS5. При возникновении солевого стресса, белки 14-3-3 связываются с PKS5, вызывая ингибирование SOS2. GI же ингибирует SOS2 в нестрессовых условиях, но деградирует в ответ на солевой стресс, освобождая SOS2 для активации нижестоящего каскада протеинкиназ. Геминивиральная RER-взаимодействующая киназа 1 (GRIK1), киназа BIN2 и  $Ca^{2+}$ -зависимый белок, связывающийся с мембраной, ANNEXIN4 (ANN4) участвуют в передаче сигналов кальция при солевом стрессе. GRIK1 активирует SOS2, фосфорилируя его на Thr168. ANN4 взаимодействует с комплексом SOS2/SCaBP8 для тонкой настройки передачи сигналов кальция. После устранения солевого стресса, BIN2 фосфорилирует SOS2 на Thr172, ингибируя его активность.

Другими словами, SOS гены являются одними из важных генов, обеспечивающих механизм, который позволяет растениям выживать в условиях солевого стресса. В нашем Центре ведутся активные исследования по изучению SOS генов хлопчатника на примере устойчивых и неустойчивых сортов. Детальное понимание работы этих генов на примере контрастных генотипов позволит в будущем создавать более устойчивые к солевому стрессу сорта.



## ВЛИЯНИЕ СОЛЕВОГО СТЕССА НА АНТИОКСИДАНТНУЮ СИСТЕМУ ХЛОПЧАТНИКА

Камбурова В.С., Маматкулова Г.Ф., Имамходжаева А.С., Маматкулова Ш.Х.,  
Исомиддинова О.Л.

Центр Геномики и биоинформатики АН РУз  
venera.k75@gmail.com

Солевой стресс активирует дисбаланс воды и ионов в растительной клетке, что приводит к индукции осмотического и ионного стресса, которые ускоряют окислительный стресс, опосредованный гиперпродукцией активных форм кислорода (АФК), таких как супероксидные анионы ( $O_2^{\cdot-}$ ), перекись водорода ( $H_2O_2$ ) и гидроксил радикалы ( $OH^{\cdot}$ ), что индуцирует повреждения мембранных липидов за счет перекисного окисления липидов, катализируемого липооксигеназой (LOX). Для минимизирования окислительного повреждения, вызванного продуцированием АФК во время солевого стресса, растения имеют сложную антиоксидантную систему, включающую некоторые неферментативные антиоксиданты (флавоноиды, каротиноиды, токоферолы, глутатион и др.) и различные антиоксидантные ферменты. Антиоксидантные ферменты включают супероксиддисмутазу (SOD), каталазу (CAT), глутатионпероксидазу (GP) и пероксидазу (POD); и ферменты цикла аскорбат-глутатион (аскорбатпероксидаза (APX) и глутатионредуктаза (GR)).

Объектом исследования служили солеустойчивые и солечувствительные сорта хлопчатника *Gossypium hirsutum* L. Эксперименты проводили на растениях, выращенных в условиях фитотрона. Опытные растения в течение 21 дня обрабатывали раствором NaCl: 50, 100, 150 и 200 мМ. Жирные кислоты (ЖК) были метил-этерифицированы согласно методу Yu&Su (1996). Метилловые эфиры жирных кислот (ЖК) разделялись методом газовой хроматографии. Активность SOD определяли по методу Foster и Hess (1980). Общая активность CAT



измерялась в соответствии с методом, описанным Beers&Sizer (1952). Активность POD определяли по методу, описанному Tan et al. (2008). Активность LOX определяли по методу You et al. (2009). Скорость образования  $O_2^-$  определяли по методу Yang et al. (2008). Содержание  $H_2O_2$  определяли с использованием модифицированного метода Ferguson et al. (1983). Уровень малонового диальдегида определяли по методу Zhang (1992).

Полученные результаты показали, что на процентное содержание отдельных ЖК в листьях хлопчатника существенное влияние оказывал уровень солевого стресса. Концентрация насыщенных ЖК (C16:0 и C18:0) и мононенасыщенных ЖК в листьях хлопчатника увеличивалась, а полиненасыщенных ЖК (C18:2 и C18:3) снижалась при увеличении концентрации NaCl. По мере увеличения степени засоления почвы процент короткоцепочечных ЖК (C16) в листьях хлопчатника увеличивался, а длинноцепочечных (C18) уменьшился. При этом было выявлено, что состав ЖК у Порлок-4 был стабильным и содержал более высокую долю ненасыщенных ЖК и более низкую долю насыщенных ЖК по сравнению с ЖК составом у Кокер-312.

При определении активности LOX и содержания МДА было обнаружено постепенное увеличение этих показателей в листьях хлопчатника обоих сортов с повышением концентрации NaCl. Однако у солеустойчивого сорта Кокер-312 при увеличении уровня солевого стресса активность LOX и содержание МДА повышались в большей степени, чем у сорта Порлок-4.

Кроме того, показано, что с увеличением концентрации NaCl скорость генерации  $O_2^-$  и содержание  $H_2O_2$  в листьях хлопчатника увеличивались и стабилизировались при концентрации 150 мМ NaCl. При этом у сорта Порлок-4 эти параметры были ниже, чем у Кокер-312. При определении активности



антиоксидантных ферментов было обнаружено, что при увеличении уровня солевого стресса их активность в листьях увеличивалась у обоих сортов. При этом изменения активности антиоксидантных ферментов были более выражены у Порлок-4, чем у Кокер-312.

## **ИЗМЕНЕНИЕ ПАРАМЕТРОВ ФОТОСИНТЕТИЧЕСКОЙ СИСТЕМЫ ХЛОПЧАТНИКА В УСЛОВИЯХ МОДЕЛЬНОГО СОЛЕВОГО СТРЕССА**

Камбурова В.С., Маматкулова Г.Ф., Имамходжаева А.С., Маматкулова Ш.Х.,  
Исомиддинова О.Л.

Центр Геномики и биоинформатики АН РУз  
venera.k75@gmail.com

Засоление представляет собой серьезную угрозу продуктивности и устойчивости сельского хозяйства, поскольку может вызвать необратимые повреждения фотосинтетического аппарата на любой стадии развития. Индуцированное солью снижение фотосинтеза тесно связано с несколькими факторами, включая изменения ферментативной активности, ингибирование биосинтеза хлорофилла, повреждение фотосинтетического аппарата, ограничение потока электронов от фотосистемы (ФС) II к ФСI, нефотохимическое рассеивание тепловой энергии, изменения в экспрессии генов и снижение содержания  $\text{CO}_2$  за счет гидростатического закрытия устьиц. Вызванное солевым стрессом ингибирование цепи переноса электронов приводит к псевдоциклическому переносу электронов, что вызывает избыточное накопление активных форм кислорода. Например, он блокирует перенос электронов ФСII от первичного акцептора хинона (QA) к вторичному акцептору хинона (QB), что приводит к накоплению электронов, доступных для рекомбинации зарядов, что приводит к окислительному взрыву, повреждающему фотосинтетические белки и реакционный центр ФСII. и ингибирование механизма восстановления ФСII.





Объектом исследования служили солеустойчивые и солечувствительные сорта хлопчатника *Gossypium hirsutum* L. Эксперименты проводили на растениях, выращенных в условиях фитотрона. Опытные растения в течение 21 дня обрабатывали раствором NaCl: 50, 100, 150 и 200 мМ. Содержание хлорофилла (Chl) a и b и каротиноидов определяли по методу, описанному Zhang et al. (2014). Активность рибулозо-1,5-бифосфаткарбоксилазы (RuBPC) определяли по методу Camp et al. (1982). Активность фосфоенолпируват карбоксилазы (PEPC) проводили по методу Stiborová (1988). Активность циклического фотофосфорилирования (ЦФ) регистрировали спектрофотометрически по убыли неорганического фосфата в реакционной смеси. Для характеристики реакции Хилла и использовали метод регистрации убыли – феррицианида калия в реакционной смеси, нециклического фотофосфорилирования (НЦФ) – по убыли неорганического фосфата в реакционной смеси.

Полученные результаты показали, что содержание Chla, Chlb и Chl (a+b) и каротиноидов в листьях хлопчатника сорта Кокер-312 значительно снижалось по мере увеличения засоления. При этом у сорта Порлок-4 наблюдались лишь незначительные изменения данных параметров.

При определении активности RuBPC и PEPC было обнаружено постепенное снижение этих показателей в листьях хлопчатника обоих сортов с повышением концентрации NaCl. Однако у солечувствительного сорта Кокер-312 при увеличении уровня солевого стресса активность RuBPC и PEPC снижалась в большей степени, чем у сорта Порлок-4.

Кроме того, показано, что с увеличением концентрации NaCl наблюдалось снижение активности НЦФ и скорости протекания реакции Хилла у обоих сортов хлопчатника, что свидетельствует об угнетении работы ФСII. При этом у сорта Порлок-4 падение активности НЦФ и скорости реакции Хилла было менее



выраженным, чем у Кокер-312. Одновременно с этим у сорта Порлок-4 наблюдалось увеличение активности ЦФ, что свидетельствует о перераспределении нагрузок между двумя фотосистемами: подавлении работы более медленной ФС II и активации более быстрой ФС I. При этом у сорта Кокер-312 такой активации ЦФ не выявлено.

Таким образом, полученные результаты позволяют предположить о большей устойчивости ФСII у сорта Порлок-4 к солевому стрессу, а также большей лабильности переключения потоков между фотосистемами, что является одним из механизмов адаптации растений к засолению.

## **РОЛЬ ОСМОПРОТЕКТОРОВ В РАЗВИТИИ СОЛЕУСТОЙЧИВОСТИ ХЛОПЧАТНИКА**

Маматкулова Г.Ф., Камбурова В.С., Маматкулова Ш.Х., Исомиддинова О.Л.

Центр Геномики и биоинформатики АН РУз  
venera.k75@gmail.com

Засоление почвы считается одним из основных факторов, ограничивающих урожайность сельскохозяйственных культур и устойчивость сельского хозяйства во всем мире, особенно в засушливых и полузасушливых регионах, ограниченное количество осадков, высокая эвапотранспирация и неадекватное управление пресной водой способствовали увеличению засоления почвы. Хлопчатник (*Gossypium hirsutum* L.) широко выращивается в этих регионах из-за его высокой засухоустойчивости и солеустойчивости. Однако солеустойчивость хлопка по-прежнему ограничена, избыток соли в почве препятствует росту и развитию хлопка, что в конечном итоге приводит к снижению выхода и качества волокна.

Накопление низкомолекулярных осмолитов, таких как аминокислоты и сахара, является одной из наиболее важных реакций растений на солевой стресс. Эти органические вещества могут способствовать осмотической регуляции и



позволяют растениям поддерживать более высокий тургор, защищая структуру и функции клеток. Более того, накопление осмолитов может быть важным метаболическим или энергетическим резервом для восстановления растений после солевого стресса. Таким образом, исследования изменений органических растворенных веществ в хлопке после снятия солевого стресса могут дать ценную информацию для объяснения физиологического механизма восстановления после солевого стресса.

Объектом исследования служили солеустойчивые и солечувствительные сорта хлопчатника *Gossypium hirsutum* L. Эксперименты проводили на растениях, выращенных в условиях фитотрона. Для моделирования солевого стресса растения были разделены на 2 группы: контрольную и опытную. В течение 21 дня контрольные растения обрабатывали обычной водой, а опытные – раствором соли (NaCl) в концентрациях 50, 100, 150 и 200 мМ. Чтобы избежать осмотического шока, концентрацию соли ежедневно увеличивали на 25 мМ NaCl до достижения необходимой концентрации. Содержание растворимых сахаров и крахмала в собранных экстрактах определяли антроновым методом, свободных аминокислот – нингидриновым методом. Содержание сахарозы анализировали в ресуспендированном супернатанте в соответствии с протоколом Hendrix et al. (1993). Содержание пролина в тканях корня и листьев измеряли по реакции с нингидрином.

Полученные результаты показали, что содержание растворимых сахаров увеличивается с ростом концентрации NaCl. Вместе с тем, показано, что при 150 мМ NaCl у Кокер-312 наблюдается снижение уровня растворимых сахаров, что можно объяснить катаболизмом глюкозы для поддержания ионного гомеостаза. При этом у сорта Порлок-4 отмечается большее повышение уровня растворимых сахаров по сравнению с сортом Кокер-312. Кроме того, выявлено, что у сорта



Порлок-4 не наблюдается снижения уровня растворимых сахаров во всем диапазоне концентраций NaCl. Содержание же сахарозы и крахмала снижается с ростом концентрации NaCl. При этом у сорта Порлок-4 содержание крахмала существенно ниже, чем у сорта Кокер-312.

При определении содержания аминокислот и пролина было обнаружено, что их уровень увеличивается с ростом концентрации NaCl. Вместе с тем, показано, что при 150 мМ NaCl наблюдается снижение уровня свободных аминокислот и пролина. При этом у сорта Порлок-4 отмечается большее повышение уровня свободных аминокислот и пролина по сравнению с сортом Кокер-312.

Таким образом, полученные результаты, позволяют судить, что растворимые сахара, также как свободные аминокислоты и пролин играют важную роль в солеустойчивости хлопчатника.

## **ИОННЫЙ ГОМЕОСТАЗ У СОРТОВ ХЛОПЧАТНИКА В УСЛОВИЯХ СОЛЕВОГО СТРЕССА**

Маматкулова Г.Ф., Камбурова В.С., Салахутдинов И.Б., Маматкулова Ш.Х.,  
Исомиддинова О.Л.

Центр Геномики и биоинформатики АН РУз  
venera.k75@gmail.com

Поддержание ионного гомеостаза является одним из ключевых механизмов улучшения солеустойчивости растений. Внутриклеточный гомеостаз  $K^+$  и  $Na^+$  важен для активности многих цитозольных ферментов, а также для поддержания мембранного потенциала и соответствующего осмотического давления для регуляции клеточного объема. При солевом стрессе поддержание гомеостаза  $K^+$  и  $Na^+$  становится еще более важным. Солевой стресс, способствуя накоплению в цитозоле ионов  $Na^+$ , активизирует дисбаланс воды и ионов в растительной клетке,



что приводит к индукции осмотического и ионного стресса. Растительные клетки используют первичный активный транспорт, опосредованный  $H^+$ -АТФазами, и вторичный транспорт, опосредованный каналами и ко-транспортерами, для поддержания характерно высоких концентраций  $K^+$  и низких концентраций  $Na^+$  в цитозоле. В связи с этим, понимание механизма, с помощью которого хлопок поддерживает ионный гомеостаз при различных солевых стрессах, имеет большое значение для сельского хозяйства, поскольку засоление почвы является причиной больших потерь урожая хлопка во всем мире.

Объектом исследования служили солеустойчивые и солечувствительные сорта хлопчатника *Gossypium hirsutum* L. Эксперименты проводили на растениях, выращенных в условиях фитотрона. Опытные растения в течение 21 дня обрабатывали раствором NaCl: 50, 100, 150 и 200 мМ. Концентрации ионов (P, K, Na, Ca, Mg, Fe, Mn, Zn и Mo) в листьях хлопчатника измеряли методом атомно-абсорбционной спектроскопии. Содержание общего азота определяли по методу Кьельдаля с использованием реактива Несслера. Иерархический кластерный анализ и корреляционный анализ проводили на <http://www.metaboanalyst.ca/>.

Чтобы продемонстрировать влияние солевого стресса на распределение элементов в растениях хлопчатника, мы проанализировали концентрации Na, N, P, K, Ca, Mg, Fe, Mn, Zn и Mo в листьях хлопчатника при солевом стрессе. В целом концентрация  $Na^+$  в тканях значительно увеличивалась с увеличением засоления почвы. По сравнению с контролем концентрация  $Na^+$  в листьях солеустойчивого сорта Порлок-4 увеличивалась в меньшей степени, чем у солечувствительного сорта Кокер-312. Для других элементов наблюдались следующие зависимости концентрации от степени солевого стресса. При солевом стрессе у сорта Порлок-4 концентрация N значительно снижалась, а у сорта Кокер-312 увеличивалась. Концентрации K и P достоверно возрастали у сорта



Порлок-4 и уменьшались у Кокер-312. Концентрации других элементов (Mg, Fe, Zn, Ca, Mn) увеличивались у обоих сортов, причем изменение концентрации в листьях сорта Порлок-4 было больше, чем у Кокер-312.

Солевой стресс в основном вызывается избыточным количеством ионов  $\text{Na}^+$ , поэтому важно понимать взаимосвязь между ионами  $\text{Na}^+$  и другими элементами. Поэтому была проанализирована корреляция между  $\text{Na}^+$  и другими элементами в листьях, стеблях и корнях при солевом стрессе. При солевом стрессе в листьях сорта Порлок-4  $\text{Na}^+$  имел отрицательную корреляцию только с N, а у сорта Кокер-312 имел отрицательную корреляцию с K, Mg и P в G1.

Таким образом, накопление  $\text{Na}^+$  в клетках приводит к нарушению ионного гомеостаза. Однако полученные результаты свидетельствуют, что сорт Порлок-4 обладает более эффективной способностью регулировать поглощение и транспорт  $\text{Na}^+$  и  $\text{K}^+$ . Кроме того, полученные результаты позволяют предположить, что в условиях солевого стресса сорт Порлок-4 имел более сильную транспортную способность минеральных элементов, чем сорт Кокер-312.

## **ANOR (*PUNICA GRANATUM* L.) O'SIMLIGIDA DNK MARKERLARI YORDAMIDA O'TKAZILGAN GENETIK TADQIQOTLAR VA ULARNING TAHLILI**

Bolkiev A.A., Usmonov D.E., Raxmanov B.K., Abdugarimov Sh.S., Ubaydullaeva  
X.A., Buriev Z.T.

Genomika va bioinformatika markazi  
abduvakhidbolkiev@mail.ru

Anor (*Punica granatum* L.) dunyodagi eng qadimiy istemol qilinadigan mevali ekinlardan biri bo'lib, Eronda paydo bo'lgan deb taxmin qilinadi. U asosan Janubi-Sharqiy Osiyo, Eron, Xitoy, Yaponiya, G'arbiy Hindiston, AQSh (Kaliforniya), Tropic Amerika va Hindistonning qurg'oqchil mintaqalarida yetishtiriladi (Holland and Bar-



Ya'akov., 2014). O'simlik taksonomik tasnifga ko'ra, *Lythraceae* oilasiga kiritilgan bo'lib, *Punica* jinsini ( $2n=16$ ) uchta turga *Punica protopunica*, *Punica nana* va *Punica granatum* L. ajratilgan va ulardan *Punica granatum* L. mevasi uchun yetishtiriladi (Moriguchi va boshq., 1987, Graham va Graham., 2014, Berger va boshq., 2016).

Anor yuqori xilma-xillikka ega mevali daraxt turidir. Turlarni morfologik belgilar bilan aniqlash mumkin emas. Ammo genetik usullar turli navlarni tez va aniq tavsiflash va sertifikatlashda yordam berishi mumkin. Polimeraza zanjiri reaksiyasi (PCR) ga asoslangan ba'zi usullar DNK fragmentlari uzunligi bo'yicha klonlar va navlarni farqlash uchun xizmat qilishi mumkin (Melgarejo va boshq., 2009).

*Tasodifiy kuchaytirilgan polimorf DNK (RAPD)*. Bu markerlar ixtiyoriy nukleotidlar ketma-ketligining bitta primeri bilan genomik DNKning tasodifiy segmentlarini PCR amplifikatsiyasidan olingan DNK fragmentlari. RAPD markerlari yordamida anor navlarining genetik jihatdan farqlari tadqiq qilingan (Sarkhosh va boshq., 2006, Ercisli va boshq., 2007, Sheidai va boshq., 2007).

*Kuchaytirilgan fragment uzunligi polimorfizmi (AFLP)*. Genomik DNK dan ma'lumot olishda cheklovchi (restriksion) fermentlardan foydalanadi, so'ngra adapterlarni restriksion fragmentlarining yopishqoq uchlariga bog'laydi. Restriksion fragmentlarining kichik to'plami keyinchalik amplifikatsiya uchun tanlanadi. Bu markerlar PCRga asoslangan bo'lib, anor navlari populyatsiyalarida genetik xilma-xillik mavjudli aniqlangan (Yuan va boshq., 2007, Jbir va boshq., 2008).

*Mikrosatellit polimorfizmi yoki oddiy ketma-ketlikni takrorlash (SSR)*. Mikrosatellit markerlar takrorlanuvchi DNK trakti (uchastka) bo'lib, unda ma'lum DNK motivlari (uzunligi birdan olti yoki undan ortiq asos juftligigacha o'zgarib turadi) odatda 5-50 marta takrorlanadi. Mikrosatellitlar organizm genomidagi minglab joylarda uchraydi. Ular DNKning boshqa sohalariga qaraganda yuqori mutatsiya xususiyatiga ega (Richard va boshq., 2008). Anorda SSR markerlar genetik xilma-



xillikni o'rganish va populyatsiya tuzilishi va assotsiatsiya tahlillarini aniqlashda keng qo'llanilgan (Curro va boshq., 2010, Pirseyedi va boshq., 2010, Singh va boshq., 2015, Patil va boshq., 2020b, c).

*Bitta (yagona) nukleotid polimorfizmi (SNP)*. Bu markerlar genomning ma'lum bir joyida bitta nukleotidning hujayra populyatsiyasi (germline) almashinuvi bo'lib, yetarlicha katta fraksiyada mavjud. Yagona nukleotidli polimorfizmlar genlarning kodlash ketma-ketligiga, genlarning kodlanmagan hududlariga yoki intergenik hududlarga joylashishi mumkin (Spencer va boshq., 2012). Anorda bir qancha genetik belgilar SNP markerlari yordamida tadqiq qilingan (Ophir va boshq., 2014, Harel-Beja va boshq., 2015, Holland va boshq., 2019).

Bugungi kunda Genomika va bioinformatika markazi, "Strukturaviy va funktsional genomika" laboratoriyasida anorning mahalliy navlari butun dunyo olimlari tamonidan anor navlari populyatsiyalarining genetik xilma-xilligini aniqlashda keng foydalanilgan 200 dan ortiq mikrosatellit (SSR) markerlari yordamida genetik jihatdan tadqiq qilinmoqda. Olingan tadqiqot natijalari asosida maxalliy anor navlarining molekulyar-genetik passporti ishlab chiqiladi va nav identifikatsiyasi amalga oshiriladi.





## II. ГЕНЕТИКА РАСТЕНИЙ И ЖИВОТНЫХ

### ***G. HERBACEUM* L. VA *G. NELSONII* FRYX. TURLARI ISHTIROKIDA KASALLIKLARGA CHIDAMLILIK SELEKSIYASI UCHUN YANGI SINTETIK ALLOTETRAPLOID DONORLAR OLISH**

Arslanova S.K., Ernazarova Z.A., Darmanov M.M., Kushanov F.N.

O‘zR FA Genetika va o‘simliklar eksperimental biologiyasi institut,  
arslanovasevara87@gmail.com

*Gossypium* ssp ning yovvoyi turlari madaniy g‘o‘za navlarni takomillashtirish uchun muhim belgilar manbai hisoblanadi. Ko‘plab olib borilgan tadqiqotlar shuni ko‘rsatadiki, *G. herbaceum* L. va *G. nelsonii* Fryx. madaniy g‘o‘za navlariga nisbatan kasalliklarga chidamlilik xususiyatlari yuqori. Ayniqsa, *G. nelsonii* Fryx. tolasining cho‘ziluvchanligi va pishiqligi yuqori, bakterial kuyish, *Verticillium dahliae*, shira, o‘rgimchak kana, yuqori harorat hamda qurg‘oqchilik kabi biotik va abiotik ta’sirlarga bardoshli tur hisoblanadi. Biroq, xromosomalar ploidiyasi va biologik izolyatsiya ushbu diploid turlarini *G. hirsutum* L tetraploid turi bilan duragaylashni qiyinlashtiradi.

Biz tadqiqotimizda yangi donorlarni olish uchun yovvoyi g‘o‘za turlarida uzoq geografik shakllarni duragaylash asosida yangi allodiploid g‘o‘za genotiplari ( $A_1G_3$ ) olindi. *G. nelsonii* va madaniy-tropik shakl *G. herbaceum* sub.sp *frutescens* o‘zaro chatishtirilishi natijasida jami 36 ta duragaylangan gullardan 2 dona ko‘sak olindi. Ushbu kombinatsiyada duragay ko‘saklar tugilishi juda past bo‘lib, 5,6% ni, to‘liq urug‘lar tugilishi esa mos ravishda 26,1-26,7% ni tashkil etdi. Ta’kidlash kerakki, bu kombinatsiyaning retsiprok duragaylarida duragay ko‘saklar tugilishi juda past ya’ni, 109 ta duragaylangan gullardan 2 dona duragay ko‘saklar olingan bo‘lsada (1,8%), duragay ko‘saklardagi to‘liq urug‘lar tugilishining o‘rtacha ko‘rsatkichi yuqori –  $62,6 \pm 7,5$ , belgi limiti 55,2-70,0 %, variatsiya koeffisienti xam mos ravishda, 16,7% bo‘lishi kuzatildi. Shuningdek *G. nelsonii* bilan *G. herbaceum* subsp. *pseudoarbareum* f. *harga* ruderal shaklini o‘zaro chatishtirish natijasida jami 6 ta duragaylangan



gullardan 2 dona duragay ko'sak olindi. Duragay ko'saklar tugilish foizi 33,3% ni, ulardagi to'liq urug'lar tugilishi 77,0-78,3% ni, belgining o'rtacha ko'rsatkichi  $77,8 \pm 0,7$  bo'lib, variatsiya koeffitsienti mos ravishda 1,2% ni tashkil etdi.

Ushbu olingan  $F_1$  diploid g'o'za duragay avlodini keyingi tadqiqotimizda kolxitsin bilan ishlov berish orqali apikal meristemalari xromosomalarning ikki baravar ko'payishini amalga oshirib, allotetraploid ( $A_1A_1G_3G_3$ )  $S_1$  g'o'za o'simliklari olinadi. So'ng ularda morfologik va molekulyar belgilar o'rganiladi va sitologik identifikatsiya orqali tetraploidligini tasdiqlanadi. Ushbu yangi  $S_1$  allotetraploid g'o'za genotiplari yangi navlar yaratish uchun qimmatli xo'jalik belgilariga ega bo'lgan donor sifatida taqdim etiladi.

## МОЛЕКУЛЯРНЫЕ МАРКЕРЫ В ГЕНЕТИЧЕСКОМ АНАЛИЗЕ БЕККРОССНЫХ ГИБРИДОВ С ЧУЖЕРОДНЫМ ЗАМЕЩЕНИЕМ ХРОМОСОМ *G. HIRSUTUM* L./*G. BARBADENSE* L.

Санамьян М.Ф., Бобохужаев Ш.У.

Национальный университет Узбекистана им. М. Улугбека  
sanam\_marina@rambler.ru

**ГЎЗАНИНГ *G. HIRSUTUM* L. *G. hirsutum* L. с чужеродным замещением хромосом вида *G. barbadense* L. способствуют расширению генетического разнообразия, посредством переноса новых аллелей полезных генов. Как известно, на протяжении ряда лет в США проводились исследования по созданию таких линий с использованием трех тетраплоидных видов. Однако, эти исследования, позволили получить хромосом-замещенные линии с участием вида *G. barbadense* только по тем хромосомам, по которым имелись нехватки отдельных хромосом или их плеч в американской цитогенетической коллекции (Saha et al., 2004; Stelly et al. 2005). Кроме того, выяснилось, что пять хромосом-замещенных линий (**CS-B05sh, CS-B06, CS-B07, CS-B12sh и CS-B15sh**) не**



получили молекулярно-генетического подтверждения из-за отсутствия интрогрессии специфических хромосом или отдельных локусов (Saha et al., 2015; Ullou et al., 2016; Gutierrez et al., 2009, Fang et al., 2022). Разработанная нами (Sanatyan et al., 2022) новая схема получения линий с интрогрессией отдельных хромосом с помощью двойного скрининга гибридов с помощью цитогенетических и молекулярно-генетических маркеров, SSR-анализ которых проводили на стадии гибридных проростков (4-5 настоящих листьев) до их пересадки в грунт теплицы, позволила ускорить беккроссирование и выявить новые особенности интрогрессии индивидуальных хромосом.

Так, исследование беккроссных растений  $F_1BC_1(\text{Mo} \times F_1(\text{Mo} \times \text{Pima 3-79}))$ , полученных от скрещиваний 10 моносомных линий хлопчатника *G.hirsutum* L. с гибридами  $F_1$ , обнаружило различия между вариантами, где изучение трех вариантов с участием моносомных линий (Mo11, Mo19 и Mo93) с нехваткой хромосомы 2 указало на отсутствие гибридных проростков с присутствием полиморфных аллелей от вида *G.barbadense*, в варианте ( $F_1BC_1\text{Mo11} \times F_1766_3$ ), тогда как в другом варианте ( $F_1BC_1\text{Mo19} \times F_1769_4$ ) обнаружилось одно беккроссное растение (8<sub>8</sub>) с присутствием полиморфных аллелей (JESPR179, BNL3971, BNL834, TMB0471) от вида *G.barbadense*, а анализ варианта  $F_1BC_1(\text{Mo93} \times F_1516_4)$  позволил выявить девять беккроссных растений с полиморфными аллелями от вида *G.barbadense*, тогда как аллели линии Л-458 вида *G.hirsutum* отсутствовали, что указало на локализацию хромосом-специфичных SSR-маркеров и подтвердило присутствие замещения хромосомы 2 у изученных гибридов.

Молекулярно-генетический анализ беккроссных вариантов с участием пяти моносомных линий (Mo7, Mo31, Mo66, Mo72, Mo89) с нехваткой хромосомы 4 также выявил моносомные гибриды с присутствием полиморфных



аллелей только от вида *G.barbadense*, тогда как аллели линии Л-458 вида *G.hirsutum* отсутствовали, что указало на локализацию хромосом-специфичных SSR-маркеров BNL2572, TMB0809, Gh117, Gh107 и присутствие замещений хромосомы 4.

Анализ варианта ( $F_1BC_1(Mo67 \times F_1308_1)$ ) с нехваткой хромосомы 6 не обнаружил гибридных проростков, которые характеризовались бы присутствием полиморфных аллелей от вида *G.barbadense*, а в варианте  $F_1BC_1(Mo95 \times F_1106_5)$  с предполагаемым замещением хромосомы 6, выявился только один моносомный проросток ( $19_5$ ) с присутствием полиморфных аллелей вида *G.barbadense*, тогда как три гибрида ( $19_6, 20_1, 20_3$ ), характеризовались присутствием полиморфных аллелей только от линии Л-458 вида *G.hirsutum*, что указало на элиминации чужеродной хромосомы у этих гибридов и на отсутствие замещения хромосомы 6 у этих трех беккроссных проростков.

Таким образом, обнаружены различия по профилю хромосом-специфичных SSR-маркеров, которые указали на преимущественную интрогрессию хромосомы 2 и 4  $A_t$  - субгенома хлопчатника и присутствие замещений этих хромосом, тогда как хромосома 6 характеризовалась элиминацией у части гибридов  $F_1BC_1$ .

## **ЃЎЗАНИНГ *G.HIRSUTUM* L. АЙРИМ ГОМОЗИГОТА ТРАНСЛОКАЦИОН ЛИНИЯЛАРНИ ХРОМОСОМАЛАРИНИ ТЕСТЕР ТЎПЛАМЛИ ЛИНИЯЛАРИ ЁРДАМИДА ИДЕНТИФИКАЦИЯ ҚИЛИШ**

Санамьян М.Ф., Лапасова М.Х., Бобохужаев Ш.У.

МирзоУлуғбек номидаги Ўзбекистон Миллий Университети  
bobohujayev@mail.ru

Ѓўзада биринчи мартаба М.В.Браун (1980) АҚШ да дурагай ва нурлантирилган материалларни ўрганиш асосида ўзанинг транслокацион



линиялар тўпламини яратган. Ҳозирда ғўзанинг ногомологик 26 хромосомасидан 25 таси ягона цитогенетик инструмент сифатида идентификацияланиб, бундан 26 чи хромосома мустасно, чунки бу йиллар мобайнида тадқиқотлар давомида 26 чи хромосомага жалбланувчи транслокациялар учрамаган.

Мирзо Улуғбек номидаги Ўзбекистон Миллий Университетида янги цитогенетик коллекция яратилган бўлиб, ушбу коллекцияда *G.hirsutum* L. нинг 33 та гомозигота транслокацион линиялари мавжуд. (Sanamyan et al., 2014). АҚШда яратилган тестер тўпламли транслокацион линиялар ёрдамида Ўзбекистондаги ноёб Цитогенетик коллекциянинг моносомик, монотелодисомик ва транслокацион линияларини идентификация қилиш долзарб ҳисобланади.

Нап ва бошқалар (2022) томонидан буғдой-жавдар транслокациясида хромосомаларни идентификация қилиш учун молекуляр-цитогенетик усуллардан фойдаланилган. Тадқиқотда аниқланишича жавдарнинг 6R хромосомасида ун шудринг касаллигига чидамли бўлган ген жойлашган. Октаплоидли тритикале ва буғдой навларини чапиштириш йўли билан YТ2 буғдой-жавдар линияси олинган. T1RS-1BL транслокацияси GISH ва FISH ёрдамида таҳлил қилинганда YТ2 линиясида қўшимча сифатида 6R дисомик хромосома борлиги аниқланди. Ушбу хромосома жавдардан буғдой хромосомалари алмашилиши натижасида келганлиги аниқланди.

Ғўзанинг кичик хромосомали туфайли айрим хромосомаларини идентификация қилиш муаммоси ҳозир кунда ҳам долзарб бўлиб қолмоқда. ЎЗМУнинг цитогенетик коллекциясида бешта гомозиготали транслокация линияларини (Tr5, Tr8, Tr9, Tr15, Tr16) хромосомаси рақамланган тестер тўпламли линиялар билан (Тн9, Тн16, Тн26, Тн28, Тн11, мос равишда) цитогенетик таҳлил ўтказилди. Ушбу тестер тўпламли линиялар ёрдамида (Тн9, Тн16 и Тн26) қайта тузилган гомологик хромосомалар  $A_t$  -субгеномнинг 6



хромосомасига тегишли, иккита транслокация линиялари яъни Tr5 и Tr8 топилган.

Гомозиготали транслокацион Tr15 линиянинг бешта тестер тўпламли транслокацион (Tn21 (**4-19**), Tn22 (**4-15**) Tn23 (**5-9**), Tn24 (**5-12**) ва Tn36 (**9-17**) линияларнинг дурагайларида хромосомалар конъюгациясини таҳлилига кўра фақат иккита чатиштирувида вариантида F<sub>1</sub> (Tr15 x Tn22 ва Tr15 x Tn24) дурагай ўсимликларда “критик хужайраларда” 22 бивалент ва иккита квадριвалент аниқланди. Бу шундан далолат берадики ҳар хил ногомологик хромосомалараро транслокация рўй берган. Бундан ташқари, битта вариантда F<sub>1</sub>(Tr15×Tn36) дурагай ўсимликларда “критик хужайраларда” яъни мейозни метафаза-1 боскичида 23 бивалент ва битта гексавалент аниқланди ва бу еса транслокацион Tn36 линияси хромосомаси алмашинувга **9-17** хромосомаларини жалб этган ҳолда ва бу Tr15 транслокацион линиясидаги транслокацияда хромосома алмашинувида AD субгеномнинг **9-17** хромосомалари иштирок этган.

Ушбу линияни Санамьян ва бошқалар (2022) томонидан цитогенетик скрининг қилиш натижасида Tr15 x Tn28 чатиштириш натижасида 23 бивалент ва битта гексавалент аниқланган тестер сифатида қатнашган транслокант линияларнинг **6-14** хромосомалар жалб этган.

Шундай қилиб, ўтказилган цитогенетик таҳлиллар натижасида ЎзМУнинг Цитогенетик коллекциясининг иккита транслокацион Tr15 линияларни транслокацион гомологик хромосомаси аниқланди **6, 9, 14** ва **17** хромосомалар бўйича транслокация жалб қилинган бўлиши мумкин.



## **“GENE PYRAMIDING” ТЕХНОЛОГИЯСИ АСОСИДА ОЛИНГАН ҒЎЗА ГЕНОТИПЛАРИНИНГ МОРФОБИОЛОГИК БЕЛГИЛАРИНИ БАҲОЛАШ**

Бойқобилов У.А., Хусенов Н.Н., Номаматов И.С., Норбеков Ж.К., Мамамов  
А.Х., Рахматова Н.Р., Буриев З.Т.

ЎзР ФА Геномика ва биоинформатика маркази  
umidjanboyqobilov248@gmail.com

Пахтачилик саноати ҳозирги кунда шўрланиш, қурғоқчилик, юқори харорат, зараркунанда ҳашарот ва вилт касалликлари каби бир қанча экологик омиллар сабабли жуда катта зарар кўрмоқда. Тупроқнинг шўрланиши нафақат мамлакатимизда балки бутун дунё пахта етиштирадиган давлатларда ҳам жуда кўп зарар кўрмоқда. Бугунги кунда, Ўзбекистоннинг ғўза экиладиган майдонларни 45% шўрланган бўлиб, бундай шароитда ғўзада юқори ҳосилдор селекцион нав ва линиялари олиш олимлар олдида турган асосий вазифалардан биридир.

Генларни пирамидалаш технологияси (gene pyramiding) бу МАС технологиясининг муҳим йўналишларидан биридир. Бунда, исталган генотипнинг геномида бир вақтни ўзида бир нечта қимматли генларни жамлаш ва янги, ҳар томонлама мақбул навлар яратиш стратегияси кўзда тутилади.

Тадқиқотда шўрли тупроқ шароитида экилга Султон, Андижон-35 ғўза навлари, L-141 ва Saenr-Pena тизмалари ва улар асосида олинган  $BC_3F_4$  [(F<sub>1</sub>Андижон-35 х L-141) х (F<sub>1</sub>Андижон-35 х Saenr-Pena) х Андижон-35] популяция тизмалари морфологик белгилардан ўсимлик бўйининг узунлиги, оғирлиги, илдиз узунлиги ва оғирлиги каби кўрсаткичлари шўрхоқлик таъсирида баҳолаб ўрганилди.

Тадқиқот натижасида, шўрланиш муҳитида ўсимлик бўйининг узунлиги, оғирлиги, илдиз узунлиги ва оғирлиги юқори кўрсаткични Султон ғўза нави, L-



141 ва Saenr-Pena линиялари бўлса, паст кўрсаткич эса Андижон-35 ғўза навида кузатилди.  $BC_3F_4$  [(F<sub>1</sub>Андижон-35 х L-141) х (F<sub>1</sub>Андижон-35 х Saenr-Pena) х Андижон-35] авлод дурагай комбинацияси оилалари орасида юқори кўрсаткични 4-, 9-, 10-, 11-, 15-, 19-, 22-, 23-, 24-, 27-, 28-, 31- ва 32-оилаларида қайд этилган бўлса, энг паст кўрсаткични 5-, 17-, 18-, 20- ва 35-оилаларида кузатилди.

Тадқиқотда шўрланиш муҳитида юқори чидамлилик намоён этган  $BC_3F_4$  [(F<sub>1</sub>Андижон-35 х L-141) х (F<sub>1</sub>Андижон-35 х Saenr-Pena) х Андижон-35] популяция тизмаларида шўрланишга чидамлилик QTLлари ва тола сифат кўрсаткичлари билан ассоциацияланган QTL локуслари мавжудлиги аниқланди.

Кейинги тадқиқотларда ушбу тизмаларнинг агрономик ва тола сифат кўрсаткичларини таҳлил қилиш ва энг сараларини нав даражасига етказиш кўзда тутилган.

#### **(AD)<sub>4</sub> GENOMI ISHTIROKIDA OLINGAN MURAKKAB DURAGAYDAGI AYRIM MORFOBIOLOGIK KO‘RSATKICHLAR TAXLILI**

Iskandarov A.A., Xamroxo‘jayev A. R., Qudratova M. Q., Rafiyeva F. U

Genetika va o‘simliklar eksperimental biologiyasi instituti  
abdulloxiskandarov4@gmail.com

Ma’lumki, bugungi kunda, oziq-ovqat muammosi, aholini ko‘payishi, ekiladigan yer maydonlarini esa kamayishi hamda ekologiyani buzilishi yaratilayotgan qishloq xo‘jalik ekinlarining yangi navlariga bo‘lgan talablarini kuchaytirmoqda. Bu esa seleksiya jarayonini uzluksiz davom etishini taminlaydi. O‘zining muhimligidan kelib chiqqan holda g‘o‘za o‘simligi navlariga bo‘lgan talab yildan-yilga oshib borayotganligi munosabati bilan seleksioner olimlar oldiga ham yangidan-yangi vazifalar qo‘yilmoqda. Ushbu tarmoqning rivojlanishida navlarning nafaqat xo‘jalik xususiyatlari (tezpisharligi, tola chikimi, tola uzunligi, sanoat talabiga javob berishi), balki har xil kasallik zararkunandalarga chidamliligi, ekstremal sharoitlarga





moslashishi yoki bardoshli bo'lishi ham muhim ahamiyatga ega. Navlarda bunday xususiyatlarni jamlash uchun g'o'zaning turli mamlakatlardan olingan, o'zlarida ko'plab foydali belgilarni saqlab kelayotgan yovvoyi, yarim yovvoyi shakllarini o'rganish muhim ahamiyat kasb etadi. Tadqiqotlarimizda foydalanilgan *G.mustelinum Miers ex Watt* turi qimmatli xo'jalik belgi va xususiyatlarga ega bo'lib, tolasining pishiq va ipaksimon mayinligi, tarkibida terpenoid va aldegid kabi moddalarning ko'pligi tufayli so'ruvchi hasharotlar (*Aphis gossypii* Glov., *Tetrahychic urticae*) va boshqa stress omillarga chidamliligi bilan ajralib turadi. Ushbu tahlilda biz jalb qilingan populyatsiyalar va ularning duragay avlodlari uchun asosiy morfobiologik va qimmatli xo'jalik belgilari natijalarini ko'rsatishni maqsad qilganmiz.

**F<sub>1</sub> (*G.mustelinum* x Surxon-9) x (Beshqahramon x *G.mustelinum*)** kombinatsiyasi. **Poyasi** - tik o'suvchi, barglari o'rtacha zichlikda joylashgan, asosiy poyaning bo'yi 100,0-130,0 sm, o'rtacha antotsian qizarishga ega. Kasallanmagan, yig'iq. Bo'g'inlarning umumiy soni 17-21 ta, shoxlanishi simpodial, cheklanmagan, 1-simpodial hosil shoxi (*hs*) 4-6-bo'g'inda, simpodial shoxlar (*s*) 13-17 ta, monopodial shoxlar soni (*m*) 1-2 ta. 1-2-3- tipga mansub (4-rasm). **Bargi** - o'rtacha kattalikda. to'q yashil, 3 bo'lmali, tuklangan, o'rtacha antotsian qizarishga ega. Bargining umumiy uzunligi 21,0 sm, barg bandi esa 9,5 sm. Barg yaprog'ining bo'yi 12,5 sm, eni esa 13,0 sm ni tashkil etadi. Bargining orqa tomonida 3 ta nektardoni mavjud. Nektardoni rangsiz bo'lib, namlangan. **Gul** - o'rtacha kattalikda, umumiy uzunligi 6 sm, gul bandini uzunligi 1 sm. Ostgulkosachasi och yashil rangda, gossipol bezchalari bilan siyrak qoplangan, tishchalarining soni 5 ta, chuqur qirqilgan. Uzunligi 3,5 x 1,3 sm, ostida 3 ta nektardoni bor, namlangan. Ustgulkosachabargi 3 ta, uzunligi 5,0 x 3,0 sm, 17 ta tishchasi bor. Tishchalari chuqur qirqilgan kuchsiz antotsian qizarishga ega. Gultojibarglari 5 ta uzunligi 5,5 x 4,7 sm, och sariq rangda, tubida antotsian dog'lari yo'q. Urug'chining umumiy uzunligi 3,3 sm, tumshuqchasi 4 ta buralmagan,



tumshuqcha changdondan 0,5 mm ichkarida joylashgan. Changdon o'rtacha zichlikda joylashgan. **Ko'sagi** - o'rtacha kattalikda. Tuxumsimon shaklda. Sirti yashil va silliq bo'lib, gossipol bezchalari bilan qoplangan. 4-5 chanoqli. Bitta ko'sakdagi paxta vazni 6,6 g, tola uzunligi 38,3 sm, tola chiqimi 36,8 %, 1000 dona chigit vazni esa 135,0 g ko'rsatgichga ega bo'ldi. Bitta ko'sakdagi paxta vazni, tola uzunligi, tola chiqimi, 1000 dona chigit vazni kabi qimmatli xo'jalik belgilarining irsiylanish ko'rsatkichi mos ravishda  $hp = 2$ ;  $hp = 3,4$ ;  $hp = 0,7$ ;  $hp = 2,2$  ni tashkil etib barcha belgilarni ijobiy dominantlik asosida irsiylanganligini kuzatdik.

Olib borgan murakkab duragaylash borasidagi izlanishlarimizda uchta genotipga mansub namunalar belgilari bitta avlodga birlashtirish maqsad qilingan va natijada bitta ko'sakdagi paxta vazni, tola uzunligi, tola chiqimi, 1000 dona chigit vazni kabi qimmatli xo'jalik belgilarining irsiylanish ko'rsatkichi ijobiy dominant bo'lgan shakllar olindi.

## **FITOVAK VA UZGUMI STIMULYATORLARINING RAVNAQ-1 G'O'ZA NAVI MORFOBIOLOGIK BELGILARIGA TA'SIRI**

Kucharova I.A, Darmanov M.M

Genomika va bioinformatika markazi,  
navruzakucharova@gmail.com

Qishloq xo'jaligida katta ahamiyatga ega bo'lgan paxta hosilini oshirish, paxta yetishtirish agrotexnologiyalarini rivojlantirish bo'yicha mamlakatimizda ko'plab ilmiy izlanishlar amalga oshirilmoqda. Hozirgi kunda aholi sonining ko'payishi hamda oziq-ovqat mahsulotlariga bo'lgan talabning ortishi, paxtachilikda ham biotik va abiotik stress omillarga chidamliligini oshiruvchi, yuqori hosil va sifatli tola yetishtirishda stimulyatorlarni qo'llagan holda agrotexnologiyalarni ishlab chiqish dolzarb masalalardan hisoblanadi.



Respublikamiz sharoitida g'o'za parvarishida turli stimulyatorlarni qo'llab, g'o'zaning o'sishi va rivojlanishini muvofiqlashtirish, hosil to'plashini jadallashtirish, ko'saklar ochilishini tezlashtirish, paxta hosili va tola sifatini oshirishda yangi preparatlarni sinovdan o'tkazish va eng samarali biopreparatlarni aniqlash bo'yicha ilmiy tadqiqotlar olib borilmoqda.

Xususan, tadqiqotlarimizda dala sharoitida Ravnaq-1 g'o'za navida Fitovak va Uzgumi stimulyatorlarini qo'llab ilmiy izlanishlar olib borildi. Tadqiqotda urug'lik chigitga ekish oldidan Fitovak stimulyatorini 300 ml/t, shonalash davrida 200 ml/ga va gullash davrida 400 ml/ga me'yorda va Uzgumi stimulyatorini urug'lik chigitga ekish oldidan 0,7 l/t, shonalash davrida 0,3 l/ga va gullash davrida 0,4 l/ga me'yorda qo'llanilib tadqiqotlar olib borildi.

Fitovak stimulyatori chigitga ekish oldidan 300 ml/t me'yorda qo'llanilganda, unuvchanlik 88,4 % ni, Uzgumi stimulyatori chigitga ekish oldidan 0,7 l/t me'yorda qo'llanilganda, unuvchanlik 91,7 % ni, nazorat variantida esa 71,7 % ni tashkil etdi. Shuningdek Fitovak stimulyatori shonalash davrida 200 ml/ga me'yorda qo'llanilganda, shonalar soni 13 iyundan 25 iyungacha o'rtacha hisobda 1,5 tadan 11,3 tagacha, Uzgumi stimulyatori shonalash davrida 0,3 l/ga me'yorda qo'llanilganda, shonalar soni 1,6 tadan 12,2 tagacha, nazorat variantida esa 1,5 tadan 7,9 tagacha hosil bo'ldi.

Fitovak stimulyatori gullash davrida 400 ml/ga me'yorda qo'llanilganda, dastlabki gullash fazasida gullar soni 29 iyundan 7 iyulgacha o'rtacha hisobda 1,4 gacha, Uzgumi stimulyatori gullash davrida 0,4 l/ga me'yorda qo'llanilganda gullar soni 1,5 gacha, nazorat variantida esa 1,1 gacha hosil bo'ldi.

Xulosa qilib aytganda Toshkent viloyatining tipik bo'z tuproqlari sharoitida g'o'zaning Ravnaq-1 navida Fitovak va Uzgumi stimulyatorlari qo'llanilishi natijasida nazorat variantiga nisbatan g'o'za nihollarining unuvchanlik foizi, o'sish- rivojlanishi



(g'o'za nihollarining bo'yi, shonalar soni va gullar sonining ortishi va hok.) va hosil elementlari hamda hosildorlikka ta'siri sezilarli darajada ortganligi kuzatildi.

## **СПОРТЧИЛАРНИНГ ИНДИВИДУАЛ ГЕНЕТИК ХУСУСИЯТЛАРИГА КЎРА РАЦИОНАЛ ОВҚАТЛАНИШ МЕНЮСИНИ АЛОҲИДА ТУЗИШ.**

Курганов С.К.<sup>1-3</sup>. Пулатов О.Р.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Мирзо Улуғбек номидаги Ўзбекистон Миллий университети ҳузуридаги Биофизика ва биокимё институти, Тошкент.

<sup>2</sup>Ўзбекистон миллий олимпия кўмитаси ҳузуридаги Республика спорт тиббиёти илмий амалий маркази, Тошкент.

<sup>3</sup>Республика илмий-ихтисослаштирилган аллергология маркази, Тошкент.  
sardorbioinformatik@mail.ru

Ташқи омиллар қаторига биринчи ва асосий факторлар мажмуаси айнан спортчилардаги диеталогик ҳамда фармакологик коррекциялашда аввало уларнинг ирсиятига боғлиқ бўлган индивидуал генетик хусусиятларини аниқлаган холда рационал овқатланиш менюсини ишлаб чиқиш зарурияти мавжуд бўлади. Одатда рационал овқатланиш менюси углеводлар, оқсиллар ва ёғларнинг коллория улишларининг тақсимотига қараб тузилади. Айнан шу сабабли ҳам овқатланишдаги углевод, оқсил ва ёғларга бўлган ҳар бир индивидуал организмнинг генетик хусусиятларини аниқлаш зарурияти бўлади.

Спортчиларда рационал овқатланиш менюси, яъни оқсиллар, углеводлар ва ёғларнинг улар организмда сўрилиш даражасини аниқлаш. Шу билан бирга, ҳар бир индивидуал организмнинг генетик хусусиятларига кўра, улар учун қай бир витаминларнинг етишмаслигини аниқлаш.

Тадқиқотлар учун 2020-2023 йиллар давомида Осиё ва Олимпия ўйинларига ҳамда жаҳон ва Осиё чемпионатларига тайёргарлик кўраётган спортчилар ҳамда уларнинг ёрдамчи спарринг шерикларининг индивидуал генетик ва фенотопик имкониятларини ўрганиб чиқиш бўйича Ўзбекистон миллий терма жамоалари аъзолари бўлган элит спортчиларидан 1000 нафарлардан биологик намуналар



олинган. ДНК экстракцияси QIAamp DNA Blood Kits 250 (QIAGEN Inc., Valencia, CA., АҚШ) тўплами ёрдамида амалга оширилди. ДНК намуналаридан VDR *FokI* T>C, VDR *BsmI* G>A; ADRB2 Gln(C)27Glu(G); ADRB2 Arg16Gly, ADBR3 Trp64Arg, FABP2 Ala54Thr, MTHFR Ala222Val; MTHFR Glu429Ala, MTR Asp919Gly ва MTRR Ile22Met аллелларидан иборат бўлган генотип полиморфизмни аниқлаш учун ишлаб чиқарувчи ООО НПФ «Литех» (Москва, Россия)нинг флюоресцент зондли аллел специфик праймерли тўплamlари танланди.

Тадқиқотларда текширилган 1000 нафар спортчиларда генотип полиморфизмларининг умумлаштирилган тахлил тадқиқотлари махсус NUTRIGENETICS (организмда оқсиллар, углеводлар ва ёғлар тақсимотини аниқлаш) + Vitamins&Minerals электрон дастурлар ёрдамида ўтказилди. Электрон дастур таъминоти ҳар бир спортчи(ўртача 70 кг оғирликдаги) учун 1800 ккал/кун улушига тўғри келади.

Тахлил тадқиқотларида текширилган шахс(спортчи)ларнинг углеводлар, оқсиллар ва ёғларга кунлик эҳтиёжи нормада 60-20-20% ташкил этади. Интенсив машғулотларда 50-25-25% ли рационал овқатланиш менюси ишлаб чиқилди. Рационал овқатланиш менюси [http://www.freedieting.com /tools /calorie\\_calculator.htm](http://www.freedieting.com/tools/calorie_calculator.htm) ва <http://www.calorizator.ru/analyzer/calories> электрон дастур таъминоти ёрдамида амалга оширилди.

Спортчилар организмни диетологик ҳамда фармакологик жиҳатдан коррекциялаш шу қадар муҳим бўлган механизмки, ўтказилган тадқиқотларимиз ҳам амалда бу қоидани тўғри эканлигини исботлаб берди. Спортчиларда мусобақадан кейин ва оғир жисмоний машғулотлар вақтида спортчи организмнинг қайта тикланиши муҳим аҳамият касб этиб, у ҳар бир спортчи учун индивидуал ёндашувни талаб этади. Айнан рационал овқатланишда шу каби



экзоген таъсирларни инобатга олиш зарур. калория улушларининг тақсимотига кўра, ҳар бир спортчи организми учун оқсиллар, углеводлар ва ёғлар, шунингдек, витаминлар миқдорининг кунлик эҳтиёжи (менюси)ни ишлаб чиқиш муҳимдир. Генетик тадқиқот натижалари асосида парҳез ҳамда ҳар бир индивидуал организмнинг генетик хусусиятларига кўра, улар учун қай бир витаминларнинг етишмаслигини тавсиялар ишлаб чиқилди ва бу тавсияларни эътиборга олган ҳолда ҳар бир спортчи учун алоҳида овқатланиш менюлари тузилди.

## **ҲОМИЛАСИ ТУШИШ ҲАВФИ ТАШҲИСЛИ БЕМОРЛАРИДА МОЛЕКУЛЯР-ГЕНЕТИК ТЕКШИРУВ ТАДҚИҚОТЛАРИНИНГ АХАМИЯТИ.**

**Курганов С.К.** <sup>1-3</sup>.

<sup>1</sup>Мирзо Улуғбек номидаги Ўзбекистон Миллий университети ҳузуридаги Биофизика ва биокимё институти

<sup>2</sup>Ўзбекистон миллий олимпия кўмитаси ҳузуридаги Республика спорт тиббиёти илмий амалий маркази

<sup>3</sup>Республика илмий-ихтисослаштирилган аллергология маркази  
sardorbioinformatik@mail.ru

Инсон ДНКсидаги ўзгаришлар, ундаги генлар ва ушбу генларнинг ишлашидаги индивидуал фарқланишлар (алоҳида ёки бир-бири билан ўзаро алоқада), атроф-муҳит таъсири, шунингдек ҳаётий турмуш тарзи касалликларнинг ривожланишига ёки олдини олишга ёрдам беради. Жумладан битта ёки бир нечта генларнинг бузилиши, хромосома мувозанати, атроф-муҳит таъсири остида генларнинг фаоллиги (эпигенетика) ва мураккаб турдаги тартибсизликлар (мультифакториал касалликлар), генетик касалликлар натижасида ҳамда салбий ташқи омиллар таъсири остида ривожланадиган касалликлар келтириб чиқаради. Генетик касалликлари ривожланиши асосида дастлаб модда алмашинуви касалликларини келтириб чиқаради. Улар



углеводлар, липидлар, пуринлар ва примидинлар, билирубинлар, металлар алмашинувидаги номутоносибликлар касалликларни ривожланишига сабаб бўлади. Касалликларнинг клиник намоён бўлиши, оғирлиги ва ривожланиш тезлиги организм генотипига – ген-модификаторлари, генлар дозаси, мутант геннинг таъсир даври, касал беморнинг ёшига, ташқи муҳит шароитлари, овқатланиш, стресслар, қаттиқ чарчаш ва бошқа таъсир этувчи омилларга боғлиқдир.

Мультифакторли касалликларни ривожланиши учун сабабчи бўладиган генетик маркерларни ҳомиласи тушиш ҳавфи диагнози ташҳиси билан даволанишни бошлаган 1000 нафар аёл беморлар аъзоларида текшириш.

2018-2023 йиллар давомида Ўзбекистон Республикаси Соғлиқни сақлаш вазирлигининг ТОШКЕНТ ШАҲАР ПЕРИНАТАЛ МАРКАЗИ клиник бўлимларидан ҳомиласи тушиш ҳавфи диагнози ташҳиси билан даволанишни бошлаган 1000 нафар аёл беморлардан биологик намуналар олинган. Намуналар қон гемостази изланишлари учун мўлжалланган 3% ЭДТА (этилендиаминтетрауксусли кислота)ли вакуум пробиркаларга венадан қон намунаси сифатида олиниб, ДНК экстракцияси учун ишлатилди.

Барча биологик қон намуналаридан ДНК/РНК экстракцияси Рибо-преп (Интерлабсервис, Россия) тўплами ёрдамида амалга оширилди.

ДНК намуналаридан F2 G2021A, F5 Arg506Gln, F7 Arg 353 Gln, F13A1 Val 35 Leu, FGB G-455A, ITGA2 C807T, ITGB3 Leu 59 Pro, PAI-1 5G-675-4G, VDR BsmI G>A; HIF1A C1772T; ADRB2 Gln(C)27Glu(G); ADRB2 Arg16Gly, ADBR3 Trp64Arg, FABP2 Ala54Thr, MTHFR Ala222Val; MTHFR Glu429Ala, MTR Asp919Gly ва MTRR Ile22Met аллелларидан иборат бўлган генотип полиморфизмни аниқлаш учун ишлаб чиқарувчи ООО НПФ «Литех» (Москва, Россия)нинг флюоресцент зондли аллел специфик праймерли тўпламлари



танланди. Шу билан бирга, аёл беморларнинг биокимёвий ва иммунфермент таҳлил кўрсаткичлари текширилган. Тадқиқот таҳлилларида қуйидаги, хусусан, F2 2021A-7%, F5 506Gln-9%, F7 353Gln-14%, F13A1 35Leu-45%, FGB 455A-49%, ITGA2 807T-52%, ITGB3 59Pro-43%, PAI-1 675-4G-78%, VDR BsmI >A-46%; HIF1A 1772T-39%; ADRB2 27Glu(G)45%; ADRB2 16Gly-52%, ADBR3 64Arg-37%, FABP2 54Thr-38%, MTHFR 222Val-47%; MTHFR 429Ala-28, MTR 919Gly-41% ва MTRR 22Met-36%. эҳтимолликларда ҳавф туғдирувчи аллел генотиплари аниқланган. Ўртача диагностик ҳавф туғдирувчи генларнинг гаплотипик таҳлил эҳтимоли 10% га тенг бўлган бўлса, ўртача прогностик ҳавф туғдирувчи генларнинг гаплотипик таҳлил эҳтимоллиги 43% эканлиги аниқланди.

### **QURG‘OQCHILIK STRESSIDA G‘O‘ZA O‘SIMLIGINING BARGLARIDAGI XLOROFILL MIQDORI**

Mamajonov A.B., Safarov K.S., Darmanov M.M., Narmatov S.E., Bozorov I.E.,  
Nurmirezayev I.A., Buriev Z.T.

Genomika va bioinformatika markazi  
akramjon2327@gmail.com

G‘o‘za o‘simligi butun dunyo bo‘ylab qurg‘oqchil va yarim qurg‘oqchil mintaqalarda ko‘p ekiladigan muhim ekin turi hisoblanadi. Tashqi muhitning noqulay omillariga o‘simliklarning chidamliligini o‘rganishda xlorofill miqdorini aniqlash ahamiyatli hisoblanadi. Chunki, o‘simliklarning umumiy mahsuldorligini ta‘minlash asosan xlorofill miqdori bilan bog‘liq.

Tadqiqotlarni olib borish uchun tadqiqot obyekti sifatida g‘o‘zaning *G. hirsutum* turiga mansub Porloq-4 va Ravnaq-1 g‘o‘za navlaridan foydalanib, dala sharoitida, shu navlarning barglaridagi xlorofill miqdorini o‘rganishga harakat qildik.





Tadqiqotlar uchta biologik takrorda amalga oshirildi. Urug'larni, har bir takror 10 metrli qatorga, 90x25x1 sxemada ekilib, har bir navdan jami 120 tadan o'simlik o'rganildi.

Xlorofill miqdori *SPAD 502 Plus Chlorophyll Meter* (Yaponiyada ishlab chiqarilgan) qurilmasi yordamida aniqlandi. G'o'zadagi xlorofill miqdori bargning 2x3 mm<sup>2</sup> sathida o'lchandi. Xlorofill miqdorini o'lchashda, g'o'za o'simligining vegetatsiya davrini 4 ta fazasida (shonalash, gullash, ko'sak va pishish) amalga oshirildi.

Tajribamiz davomida Porloq-4 va Ravnaq-1 g'o'za navlarining bargidagi umumiy xlorofill miqdori vegetatsiya davrlarida (shonalash, gullash va ko'saklash), qurg'oqchilik muhitidagi namunalar nazoratga nisbatan yuqori ko'rsatkichni namoyon etdi. Ya'ni xlorofill miqdori navlarning rivojlanish bosqichlariga bog'liq holda har xil bo'lishi kuzatildi. Umumiy xlorofill miqdori ikki xil namlik sharoitida ham shonalashdan gullashgacha oshib bordi. Ko'saklash bosqichida esa ushbu ko'rsatkich qiymati biroz kamayganligi qayd etildi. Tuproq qurg'oqchiligi, ya'ni 30% tuproq namligi sharoitida o'stirilgan barcha g'o'za navlarida 70% li namlikdagi navlarga qaraganda xlorofill miqdorining kamayishi kuzatildi.

Xlorofill miqdorini aniqlash bo'yicha olingan natijalardan shunday xulosaga kelishimiz mumkinki, qurg'oqchilikka chidamli o'simliklarda hujayra turgor holatini tezda o'zgartirmaydi va natijada turgor holatidagi hujayralarda xlorofil-oqsil-lipid birikmalari yuqori darajada bo'ladi. Barglardagi pigmentlar yig'indisi tuproqdagi suv tanqisligining ta'sirida kamaydi. Suv tanqisligi sharoitida xlorofillar miqdorining o'zgarishi navlarning qurg'oqchilikka nisbatan chidamliligini belgilaydigan xususiyatlardan biri ekanligini ifodalaydi.



## ИҚЛИМ ЎЗГАРИШИНИНГ БУҒДОЙ ҲОСИЛДОРЛИГИГА ТАЪСИРИ.

Мелиев С.К., Бозоров Т., Исоқулов С.М., Чинниқулов Б.

O'zR FA Genetika va o'simliklar eksperimental biologiyasi instituti  
igebr\_anruz@mail.ru

Қишлоқ хўжалигида навларни ҳосилдорлигини оширишда тупроқ иқлим шароитларидан келиб чиққан ҳолда мос навларни танлаш, янги юқори сифатли ва шу билан бирга барқарор, табиий омилларга мослашган, экологик пластиклиги ва технологик хусусиятлари юқори бўлган навларни жорий этишни талаб этади.

Тадқиқот йиллари 2017 йил ГТК – гидротермик коэффициент 1,4, 2018 йил - 2,8 ва 2019 йил 0,69 га тенг бўлди. Тадқиқот давомида энг қулай шароит биринчи ва учунчи йилларда кузатилди. Биринчи йили ташқи муҳит индекси қиймати  $I_j=1,43$  га тенг бўлиб, умумий ҳосилдорлик 68,4 ц/га ташкил этган. Иккинчи йил нисбатан салбий қиймат кузатилиб  $I_j=-2,8$  тенг бўлди. Умумий ҳосилдорлик 64,8 ц/га гача пасайганлиги аниқланган. Учинчи йили нисбатан қулай шароит кузатилиб  $I_j=0,69$  га ва умумий ҳосилдорлик 67,7 ц/га га тенг бўлди. Ушбу стрессли метрологик шароитлар ўрганилётган намуналарнинг мослашувчанлигини аниқлашга имкон яратади. Тадқиқотларнинг биринчи йилида андоза Краснодарская - 99 (63,0 ц/га) навидан ва ўртача ҳосилдорликдан юқори ҳосил берган К-20, К-21, К-32, К-49, К-56, К-60, К-64 ва К-81 намуналарда ҳосилдорлик 70,0 ц/га дан юқори бўлган. Тадқиқотнинг иккинчи йилида гидротермик коэффициент даражаси нисбатан пасайганлиги ва бу билан ўрганилаётган намуналарнинг умумий ҳосилдорлиги 64,8 ц/га гача пасайишига олиб келган. Биринчи йил юқори ҳосил берган намуналардан фақатгина К-64 (78,5 ц/га) намунасининг ҳосилдорлиги пасаймаганлиги ва ўзининг ҳосилдорлик бўйича юқори генетик потенциаллик хусусиятига эга эканлиги аниқланган. К-7 (77,0 ц/га), К-13 (77,0 ц/га), К - 41 (71,6 ц/га), К - 46 (73,5 ц/га), К – 64 (77,0 ц/га),



К – 80 (71,0 ц/га) ва К-82 (72,5 ц/га) намуналари нисбатан ташқи муҳитнинг ўзгарувчан шароитларига ўрта чидамли эканлиги қайд этилган. Тадқиқотнинг учинчи йилида барқарор қулай шароит кузатилиб К – 8 (76,3 ц/га), К – 13 (74,7 ц/га), К-20 (74,3 ц/га), К-21 (69,3 ц/га), К-32 (72,0 ц/га), К-46 (69,7 ц/га), К-56 (72,0 ц/га), К-64 (78,0 ц/га) ва К-89 (71,3 ц/га) намуналари учинчи йил ижобий натижа кўрсатган. Аммо ушбу намуналар йиллар бўйича номутоносиб салбий натижа кузатилганлиги сабаб бўлган. Ушбу намуналар қулай шароит бўлгандагина юқори ҳосил олиш имкони мавжудлиги қайд этилган. Уч йил давомида ҳосилдорликнинг барқарорлиги ва чидамлилиги бўйича К-100, К-74 ва К-64 намунаси стресс шароитларда чидамли ва ҳосилдорлик бўйича ўзгарувчанлиги паст эканлиги ва К-7, К-13, К-46 ва К-89 намуналари ўртача чидамли эканлиги қайд этилган. Уч йиллик тадқиқотлар давомида намуналарнинг экологик пластиклигини ( $b_i$ ) ва барқарорлик коэффиценти ( $S_d^2$ ) кўрсаткичлари ўрганилди. Намуналарнинг ҳосилдорлиги ташқи муҳит таъсири остида турли хил мослашувчанлик хусусиятларини кўрсатди. К-64 ( $b_i = 0,5$ ,  $S_d^2 = 1,8$ ), К-74 ( $b_i = 0,7$ ,  $S_d^2 = 1,9$ ) ва К-100 ( $b_i = 0,4$ ,  $S_d^2 = 0,9$ ) намуналарнинг ўзгарувчанлиги нисбатан паст ва стресс шароитларга чидамли эканлиги аниқланди. Барқарорлик кўрсаткичи  $1 < S_d^2$  катта бўлган К-8 ( $b_i = 5,6$ ,  $S_d^2 = 10,5$ ), К-13 ( $b_i = 2,7$ ,  $S_d^2 = 27,7$ ), К-20 ( $b_i = 5,8$ ,  $S_d^2 = 120,0$ ), К-21 ( $b_i = 3,4$ ,  $S_d^2 = 34,7$ ) ва К-41 ( $b_i = 4,0$ ,  $S_d^2 = 10,1$ ) намуналарни экологик пластиклик ва барқарорлик даражаси жуда юқори бўлганлиги кузатилган. Ушбу намуналар қулай шароит яратилганда юқори ҳосилдорликка эришиш мумкин, аксинча бўлса, ҳосилдорлиги тушиб кетиб стресс шароитларга чидамсиз ҳисобланади. Яъни ушбу намуналар фақатгина қулай муҳитда яхши ҳосил бериши кузатилган.

Намуналарнинг экологик пластиклигини ( $b_i$ ) ва барқарорлик коэффиценти ( $S_d^2$ ) кўрсаткичлари бўйича К-64 ( $b_i=0,5$ ,  $S_d^2 =1,8$ ), К-74 ( $b_i=0,7$ ,  $S_d^2 =1,9$ ) ва К-100



( $b_i=0,4$ ,  $S_d^2=0,9$ ) намуналарнинг ўзгарувчанлиги нисбатан паст ва стресс шароитларга чидамли эканлиги аниқланган.

## **G'O'ZA BARGIDAGI NISBIY SUV MIQDORINI O'RGANISH ORQALI QURG'OQCHILIKKA CHIDAMLILIGINI BAHOLASH.**

Muxammadaliyev R.I. <sup>[1,2]</sup>, Makamov A.X. <sup>[2]</sup>, Abdullayeva Z.A. <sup>[1,2]</sup>, Xusenov N.N. <sup>[2]</sup>, Boboyev S.G'. <sup>[1]</sup>.

1. Mirzo Ulug'bek nomidagi O'zbekiston Milliy Universiteti

2. O'zR FA Genomika va bioinformatika markazi

mrvashanbe95@gmail.com

Qurg'oqchilik o'simliklarning o'sishi va hosildorligiga keskin ta'sir qiluvchi abiotik stresslardan biridir. G'o'zada qurg'oqchilik darajasini oldindan bashorat qilib bo'lmaydi, chunki u bir qancha omillarga bog'liq, masalan, yomg'irning paydo bo'lishi va tarqalishi, radiatsiya intensivligi, tuproqning namlikni saqlash qobiliyati, yillik yomg'irning kamligi va sug'orish suvining etishmasligi. G'o'za o'simligida qurg'oqchilikka fiziologik, morfologik, biokimyoviy hamda molekulyar darajada o'rganish olimlar oldida turgan asosiy vazifalardan biri sanaladi. G'o'zada ildiz uzunligi, bo'yining balandligi, ho'l va quruq biomassa, nisbiy suv miqdori (NSM) xlorofill va prolin tarkibi, fotosintez tezligi va qurg'oqchilikka javob beradigan genlarning ifodasi o'simliklarning qurg'oqchilik stressiga javob berishning ishonchli ko'rsatkichlari hisoblanadi.

Ushbu tadqiqotimizda *Gossypium hirsutum* L. turining 20 dona turli xil ekotipga mansub (Namangan-77, KK-1796, 1000, C-9006, KK-1086, Catamarka-811, C-9008, L-N1, L-141, Napicala-19, O-030, C-4769, L-45, Zangi-Ota, Seaner Pena-85, C-2025, KK-602, SAD-35-11, C-417) nav va liniyalaridan foydalanib, qurg'oqchilik stressi tahlil qilindi. Tadqiqot namunalari o'lchmi 15×20×18 (2 lt) sm.li tuvaklarda 9 biologik qaytariqda ekilib, unib chiqqan nihollar 3-chinbarg hosil chiqquncha barcha genotiplar 200 ml suv bilan har 36 soatda bir marotaba sug'orildi va bu jarayon 20 sutka davom



etdi. So'ngra esa normal sharoit 100 foizli (200 ml) sug'orish rejimi, suv tanqiligi sharoiti 0.75 foizli (150 ml) sug'orish rejimi, suv tanqisligi sharoiti 0.5 foizli (100 ml) sug'orish rejimida 10 kun davomida sug'orildi. Keyin barglardagi nisbiy suv miqdorini (BNSM) aniqlab, qurg'oqchilik sharoitiga chidamliligini baholadik. Tadqiqotda ho'l barglar har bir liniyadan uch nusxada olindi, ho'l vaznini (HV) aniqlash maqsadida tarozida tortildi, so'ngra darhol xona haroratida 24 soat davomida distillangan suvga qo'yildi. So'ng barg namunalari suv bilan to'liq to'yingan holatdagi og'irliklarni (TV) o'lchab olindi va namunalar pechda 80 °C da 24 soat davomida quritildi hamda quruq vazni (QV) tarozida tortib massasi aniqlandi.

Tadqiqot natijasi shuni ko'rsatdiki normal sug'orish 200 ml rejimida Namangan-77, KK-1796, 1000, C-9006, KK-1086, L-N1, Zangi-Ota, C-2025, KK-602 genotiplarning BNSM 80-89 foiz oralig'ida yuqori ko'rsatkichlar aniqlandi. Qolgan genotiplar BNSM esa 71-78 foiz oralig'ida bo'lgan. Suv tanqisligi 150 ml sug'orish rejimida Namangan-77, KK-1796, 1000, C-9006, KK-1086, Catamarka-811, C-9008, L-N1, L-141, C-4769, L-45, Seaner Pena-85, C-2025, SAD-35-11, C-417 genotiplar BNSM 70-86 foiz oralig'ida yuqori natija berdi. Qolgan genotiplar esa 65-69 foiz oralig'ida bo'lgan. Suv tanqisligi 100 ml sug'orish rejimida Namangan-77, L-N1, L-141, Hapicala-19, L-45, Seaner Pena-85, C-2025, KK-602, SAD-35-11, C-417 genotiplarning BNSM 70-75 foiz oralig'ida yuqori natija berdi. Qolgan genotiplar esa 50-69 foiz oralig'ida bo'lgan.

Ushbu tadqiqotda qurg'oqchilikda yuqori chidamlilikni namoyon etgan genotiplar donor sifatida belgilab olindi va ular asosida olingan ril populatsiyalarni keyingi qurg'oqchilik muhiti tadqiqotlarida sinash belgilab olindi.



## **EXPLORING THE LINK BETWEEN ALLELIC VARIATIONS IN HIGH-MOLECULAR-WEIGHT GLUTENIN'S AND SPRING WHEAT GRAIN QUALITY (*TRITICUM AESTIVUM L.*)**

Najodov B.B.<sup>1</sup>, Rubets V.S.<sup>1</sup>, Pylnev V.V.<sup>1</sup>, Gruzdev I.V.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Russian State Agrarian University - Moscow Timiryazev Agricultural Academy

<sup>2</sup>The All-Russia Research Institute of Agricultural Biotechnology  
boburnajodov@gmail.com

Spring wheat is an essential crop that plays a vital role in feeding millions of people worldwide. As a primary food source, the quality of spring wheat grain is of great importance, and its quality is influenced by various genetic and environmental factors. One of the key factors in determining the quality of spring wheat grain is the allelic variations in high-molecular-weight glutenin.

The study conducted aimed to explore the link between allelic variations in high-molecular-weight glutenin's and the quality of spring wheat grain. The results of the study showed that the allelic state of high-molecular-weight glutenin's significantly influences the gluten strength, dough elasticity, and other essential quality parameters of spring wheat grains.

In this study, we conducted the identification of high-molecular-weight glutenin subunits using various varieties and lines of spring wheat. These samples were chosen as no significant indicators that could indirectly affect baking quality had been previously established. We tested 12 varieties and lines of spring wheat, which included Lada (control), Bombona Lisy xvost 57, Laska, Arabella, Granova, Chinese Spring, Mandarina, Kanyuk, No.23, No.35, and No.59. The samples were baked in a laboratory setting for further analysis.

The objective of the study was to detect the high-molecular-weight glutenin subunits in different types and strains of spring wheat that lacked established indicators indirectly



impacting baking quality. The samples under investigation were subjected to laboratory baking tests, and

Extraction of high-molecular-weight glutenin subunits followed a modified protocol. Each sample was examined by analyzing five to fifty grains. Proteins were electrophoretically separated on polyacrylamide gel plates (20×18.3×0.1 cm) with the presence of sodium dodecyl sulfate (SDS-PAGE) (Laemmle, 1970) using a PROTEAN® II xi vertical electrophoresis chamber from Bio-Rad. Electrode buffer used was Tris-glycine. Electrophoresis was carried out for 19.5 hours at 16 mA, with the following parameters: concentration - T=5% (concentrating)/C=2.67% (separating) and T=12.8% (concentrating)/C=0.99% (separating). The gels were fixed in acetic alcohol and stained with Coomassie Brilliant Blue R-250. The high-molecular-weight glutenin's were identified based on their molecular weight and relative mobility in the polyacrylamide gel under the influence of the electric field, compared to the high-molecular-weight glutenin's of spring wheat varieties Chinese Spring with AxN/Bx7+By8/Dx2+Dy12 composition and Lada with Ax1/Bx7+By9/Dx5+Dy10 composition. The nomenclature of high-molecular-weight glutenin's of wheat and rye origin was followed, as described

Furthermore, the study identified the presence of certain alleles and subunits that are associated with bread-making quality potential in specific samples. For instance, the presence of the Ax1 allele in lada (control), line 57, Arabella, Mandarina, and Canyk suggests good bread-making quality potential for these samples. Conversely, the presence of the Ax2\* allele in bombona, No.23, and No.59 may result in lower bread-making quality.

Moreover, the study identified certain subunits that influence the gluten strength of spring wheat grains. The presence of the By9 subunit in lada, Granova, and Canyk is associated with stronger gluten, while the presence of By8 in line 57, Chinese Spring,



No. 23, No. 35, and No. 59 is associated with weaker gluten. The presence of certain combinations of subunits in different samples can also result in variations in the dough strength properties of spring wheat.

## **DIVERSE MORPHO-BIOLOGICAL RESPONSES OF UPLAND COTTON GENOTYPES TO SALT STRESS DURING THE EARLY GROWTH PHASE**

Normamatov I.S., Makamov A.X., Boyqobilov U.A., Omonqulov U.M., and Muhammadaliev R.I.

The Center of Genomics and Bioinformatics of  
ilyosnormamatoov@gmail.com

The percentage of the agricultural field that is negatively affected by highly diverse soil salinity is increasing worldwide, due to improper use of the irrigation system. Nearly 20% of the world's cultivated lands and more than half of all irrigated lands are affected by salt stress. High salt concentration in the soil disposes of various phenomena that seriously affect agricultural crops, for example, delays in plant germination rate, fertility, growth, and development, inhibition of enzymatic activity, and a decrease in the process of photosynthesis. Therefore, it is important to determine the morphological and physiological responses of specific crops to soil salinity stress, before attempting to introduce genetic and environmental factors to alleviate salt stress. In general, salt stress induces an imbalance of cellular ions, resulting in ion toxicity, and osmotic stress in plant cells.

The cotton plant is one of the most important natural fiber crops and is utilized as edible oil and biofuel. Year by year, soil salinity has become one of the main threats to sustainable cotton production worldwide. The cotton plant is a moderately salt-resistant crop, with salinity levels up to  $7.7 \text{ dS m}^{-1}$ . Salinity-tolerant and sensitive cotton cultivars and recombinant inbred lines were used in this study. Research samples, 100





RILs obtained based on Namangan 77 and Hapicala 19 cotton genotypes, were exposed under control with 100 mM sodium chloride (NaCl) and 50 mM sodium sulfate ( $\text{Na}_2\text{SO}_4$ ) salts, and following morphological traits including fresh plant weight, fresh shoot weight, fresh root weight, total plant height, shoot, and root length, also dry plant, shoot, and root weight were determined. All collected data sets were statistically analyzed by Stat Graphic, NCSS, and Origin Pro 2022 software.

In general, despite the low concentration of  $\text{Na}_2\text{SO}_4$  salt, it was found that compared to NaCl salt, it has a more negative effect on the morphological traits of cotton plants. The results of this study reported that salt-durable cotton genotypes can be selected among these populations subsequently.

## **RANGLI TOLALI NAMUNALARDA TOLA UZUNLIGI VA TOLA CHIQIMI BELGILARINING KO'RSATKICHLARI**

Rahimova G.X, Nabiev S.M.

Genetika va o'simliklar eksperimental biologiyasi instituti  
igebr@academy.uz

Bugungi kunda organik mahsulotlarga bo'lgan talab oshib bormoqda. Ma'lumki, oq toladan kiyim-kechak va boshqa mahsulotlar tayyorlashda asosiy xarajat ularni bo'yashga ketadigan kimyoviy bo'yash vositalariga va bo'yash jarayoniga sarflanadi. Bunday mahsulotlar inson organizmiga salbiy ta'sir qiladi va katta sarf-xarajatlarga olib keladi. Tabiiy rangli paxtani yetishtirish to'la bo'yash uchun ketadigan katta sarf xarajatlarni tejash va inson organizmi uchun bezarar bo'lgan tabiiy mahsulot olish imkonini beradi. Tabiiy rangli to'la havoni juda yaxshi o'tkazadi, antiseptik va gidrofob xususiyatlarga egadir. Bunday rangli to'la to'qimachilik, xarbiy, tibbiyot sohalarida katta ehtiyoj mavjuddir. Lekin, to'qimachilik sanoatida tabiiy rangli paxtadan foydalanish uning to'la sifat ko'rsatkichlari pastligi sababli cheklangan. Bu muammoni hal qilish rangli to'la bo'yicha kompleks tadqiqotlarni talab qiladi. Jumladan, rangli



tolali g'ozada morfo-xo'jalik belgilarining irsiylanishi, o'zgaruvchanligi va korrelatsiyasi bo'yicha genetik-seleksion tadqiqotlarni olib borishdan avval boshlang'ich ashyolarda bu belgilarning ko'rsatkichlarini aniqlash muhim hisoblanadi.

Tadqiqotimizda g'ozaning *G.hirsutum* L. turiga mansub qo'ng'ir va yashil rangli namunalarda qimmatli-xo'jalik belgilaridan tola uzunligi va chiqimi belgilari o'rganildi va ko'rsatkichlari aniqlandi. Tadqiqotimizning dala tajribalari O'zR FA Genetika va o'simliklar eksperimental biologiyasi institutining, Toshkent viloyati, Zangiota tumanida joylashgan mintaqaviy eksperimental bazasining tajriba maydonida olib borildi.

Tadqiqot ob'ekti sifatida *G.hirsutum* L. rangli tolali namunalardan qo'ng'ir tolali: katalog raqamlari, 010765, 010108, 011250 namunalari va yashil tolali katalog raqamlari: 010764, 011460 va A-800 namunalari olindi. Tadqiqot laboratoriya va dala tajribalarni o'tkazish uchun qabul qilingan umumiy usullarda amalga oshirildi. Fenologik kuzatuvlar, statistik qayta ishlash va ilmiy tahlil usullaridan foydalanildi.

Paxta tolasining muhim ko'rsatkichlaridan biri tola uzunligi hisoblanadi. Uzun tolalardan ingichka, mustahkam va silliq iplar olinadi. Tadqiqotimizda olingan natijalar tahlil qilinganda, tola uzunligi belgisi bo'yicha eng yuqori ko'rsatkichlar yashil tolali A-800 ( $29,7 \pm 0,3$  mm) va 010764 katalog raqamli ( $29,0 \pm 0,1$  mm) namunalari kuzatildi. Eng past ko'rsatkich esa katalog raqami 010108 bo'lgan namunasida kuzatilib,  $25,7 \pm 0,2$  mm ni tashkil qildi.

Tola chiqimi tola vaznining umumiy paxta vazniga nisbati hisoblanadi. Tola chiqimi chigit og'irligiga, chigitdagi tolaning absolyut og'irligiga va tola sifatiga bog'liq. Tadqiqotimizda tola chiqimi belgisi ko'rsatkichlari tahlil qilinganda eng yuqori tola chiqimi ko'rsatkichi qo'ng'ir tolali 010765 namunasida ( $36,1 \pm 0,5$  %) kuzatildi. Eng past ko'rsatkich esa yashil tolali 011460 namunasida kuzatilib,  $18,3 \pm 0,1$  % ni tashkil qildi.



*G.hirsutum* L. rangli tolali namunalarda tola uzunligi va chiqimi belgilari tola ragiga qarab, bir biridan sezilarli darajada farq qilishi kuzatildi. Namunalaridan yashil tolali ko'sak shakli uzunchoq bo'lgan shakllarda tola uzunligi qo'ng'ir tolali ko'sagi yumaloq shaklli namunalarga nisbatan uzunroq bo'lganligi kuzatildi. G'o'za o'simligining muhim sifat ko'rsatkichlaridan hisoblangan tola uzunligi belgisi bo'yicha yashil tolali (A-800 namunasi  $29,7 \pm 0,3$  mm va 010764 namunasi  $29,0 \pm 0,1$  mm) namunalarda jigarrang tolali (katalog raqamlari 011250 namunasida  $26,6 \pm 0,2$  mm; 010108 namunasida  $25,7 \pm 0,2$  mm) namunalarga nisbatan yuqori ekanligi aniqlandi. Tola chiqimi belgisi bo'yicha esa, aksincha qo'ng'ir tolali (katalog raqami 010765 namunasida  $36,1 \pm 0,5$  %) namunalarda yashil tolali (A-800 namunasi  $23,1 \pm 0,2$  % va katalog raqami 011460 namunasi  $18,3 \pm 0,1$  %) namunalarga nisbatan ancha yuqori ekanligi aniqlandi.

Keyingi tadqiqotlarimiz rangli tolali g'o'za namunalarida morfo-xo'jalik belgilarining irsiylanishi, o'zgaruvchanligi va korrelatsiyasi bo'yicha olib boriladi.

## **“GENE PYRAMIDING” TEXNOLOGIYASI ASOSIDA OLINGAN BC3F4 ГЕНОТИПЛАРИНИ ТОЛА СИФАТ КЎРСАТКИЧЛАРИНИ БАҲОЛАШ**

Рахматова Н.Р., Мақамов А.Х., Дарманов М.М., Кушаков Ш.О.,  
Бойқобилов У.А., Номаматов И.С., Хусенов Н.Н., Норбеков Ж.К.,  
Юлдашева З.З., Буриев З.Т.

ЎзР ФА Геномика ва биоинформатика маркази  
rakhmatova\_nodira@mail.ru

Молекуляр генетика ва геномиканинг замонавий “Генларни пирамидалаш” технологияси яъни, бир неча хўжалик муҳим аҳамиятга эга белгиларни бир генотипга жамлаш технологияси – янги, такомиллаштирилган навлар яратишда энг асосий стратегиялардан биридир. Генларни пирамидалаш технологияси қишлоқ хўжалик экинларининг янги навларини яратишда нав яратиш муддатини



сезиларли даражада қисқартириши, меҳнат ҳажмини камайтириши ҳисобига селекция самарадорлигини оширади.

Лойиханинг мақсади қурғоқчиликка ва шўрланишга чидамлик, шунингдек юқори тола сифати ва ҳосилдорлик учун масъул генларни битта генотипга бирлаштириш орқали, янги мукаммаллашган ғўза линияларини яратиш. Республикамизда пахтачилик соҳасига интенсив ва инновацион ишланмаларни жорий қилган ҳолда тола сифати юқори, биотик ва абиотик таъсирларга чидамли, тезпишар ҳамда серҳосил ғўза навларини яратишга алоҳида эътибор қаратилмоқда.

Тадқиқот объекти сифатида Геномика ва биоинформатика марказида маркерларга асосланган селекция дастури асосида бажарилган фундаментал ва амалий лойиҳалар доирасида тола сифати кўрсаткичларини бир нечта QTL (Quantitative trait locus-миқдорий белгилар локуслари) локусларини генларни пирамидалаш усули билан бир генотипга жамланган BC3F4 [(F1Анбоёвут-2 x Л-141) × (F1Анбоёвут-2 × С419) × (BC1F1Анбоёвут-2 × Saenr-Pena)×Анбоёвут-2], BC3F4 [(F1Андижон-35 × Л-141) × (F1Андижон-35 × Saenr-Pena) × Андижон-35] дурагайлари, шунингдек тола сифати бўйича РНҮА1 ген конструкциясини ўзида тутган ғўза навлари билан қурғоқчилик ва шўрланишга чидамли бўлган Eskimo-1 ғўза линиялари дурагайлашдан олинган мураккаб BC3F4 [Порлоқ-1× (Порлоқ-1 × Eskimo-1)], BC3F4 [Равнақ-1 × (Равнақ-1 × Eskimo-1)] дурагай комбинацияларини 2022 йилда саралаб олинди ва лаборатория таҳлиллари олиб борилди.

Лобараторияда ушбу комбинацияларнинг тола чиқими, толанинг штапел узунлиги, бир дона кўсақдаги пахта вазни ва 1000 дона чигит вазни каби белгилари ўлчанди ҳамда HV-1000 тизимида толанинг сифат кўрсаткичлари таҳлил қилинди.



“Gene pyramiding” технологияси асосида олинган BC3F4 [(F1 Андижон-35 × Л-141) × (F1 Андижон-35 × Saenr-Pena) × Андижон-35] дурагай линияларининг 35 та оиласига тегишли 257 якка танлов намуналарини статистик таҳлил қилинганда тола штапел узунлиги бўйича паст қиймати 35мм ни, юқори қиймати 42мм ни ва ўртачаси 38мм ни, реципиент Андижон-35 ғўза навида паст қиймати 30мм ни, юқори қиймати 34мм ни, ўртача қиймати эса 31,8мм ни ҳамда донор Л-141 линиясида ўртача 38мм ни ташкил этди. BC3F4 дурагай линияларида толанинг штапел узунлиги бўйича донор Л-141 линиясига тенглашган ва андоза Ан-Боёвут-2, Наманган-77 ғўза навларига нисбаттан мазкур белги бўйича юқори кўрсаткичга эга эканлиги аниқланди. 1000 дона чигит вазни ҳам BC3F4 дурагай линияларида реципиент Андижон-35, андоза сифатида олинган Ан-Боёвут-2 ва Наманган-77 ғўза навларига нисбаттан 15-20 % га ошганини ҳамда донор линияларга қисман тенглашганини кузатилди.

Тадқиқотда танланган генотипларнинг ўзаро фарқликларини ишончилигини исботлаш мақсадида Tukey-Kramer’s тести амалга оширилди. Tukey-Kramer’s тести тола штапел узунлиги бўйича реципиент ва андоза навларга нисбатан, ўртасидаги фарқликлар юқорилигини тасдиқлади, ҳамда P-Value қиймати 0,00001 ни ташкил этди. BC3F4 дурагай линиялари ва донор Л-141 линиясининг тола штапел узунлиги бўйича, P-Value қиймати 0,44291 га тенг бўлиб, улар ўртасида катта фарқлик йўқлиги исботланди. 1000 дона чигит вазни бўйича BC3F4 дурагай линиялари реципиент Андижон-35, андоза Ан-Боёвут-2, Наманган-77 ғўза навларидан ва донор Saenr Pena-85 линиясидан 15-25 фоизга ошганини ҳамда донор Л-141 линиясидан 13 фоизга камлиги кузатилди. Тадқиқот намуналари ўртасида фарқликлар мавжид ва P-Value ишончилик интервали 0,00001 қийматини намоён этди.

Ушбу тадқиқотда “Gene pyramiding” технологияси асосида олинган BC3F4



дурагай линияларнинг тола чиқими ўртача 36 % ни ва энг юқори 42 % ни, донор линия Л-141 линияси ўртача 31 %, андоза Ан-Боёвут-2 ғўза нави ўртача 34 %, Наманган-77 ғўза нави ўртача 36 % ва донор Seaner Pena-85 линияси ўртача 36 % тола чиқимини ташкил этди. BC3F4 дурагай линияларининг Vox Plot Section га аксарият намуналар ўртача қийматдан юқorigа жойлашганини кузатиш мумкин ва бу ўз навбатида мазкур генотипларни реципиент Андижон-35 ғўза нави ҳамда донор Seaner Pena-85 линиясига тенг тола чиқимига эга эканлигини билдиради.

Ўзанинг тола чиқими кўрсаткичи пахтачилик соҳасининг энг муҳим белгиларидан бирдир. Ушбу кўрсаткичнинг юқорилиги олиб борилаётган тадқиқотни ва яратиладиган янги навларнинг самарадорлик потенциалини оширади.

## KARTOSHKKA O`SIMLIGIDA STPHYB GENI FUNKSIYASI

Xusanbayeva Sh.R., <sup>1,2</sup> Usmanov D.E.<sup>2</sup>, Mirzahmedov M.X.<sup>2</sup>, Muxtorov A.T.<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Toshkent davlat agrar universiteti

<sup>2</sup>Genomika va bioinformatika markazi  
shakhnozakhusanbayeva@gmail.com

Yorug'lik o'simliklarning o'sishi va rivojlanishini tartibga soluvchi eng muhim ekologik omillar qatoriga kiradi. Yorug'lik sifati va miqdoroning o'zgarishi o'simliklarning qanday, qachon va qayerda o'sishiga katta ta'sir ko'rsatadi. O'simliklarda yorug'likni sezuvchi bir nechta genlar tizimi mavjud bo`lib, ulardan ko'p o'rganilgani fitoxrom genlar oilasi hisoblanadi.

Fitoxrom genlar oilasi o'simliklarda unib chiqish, o'sish va rivojlanish, gullash, pishib yetilish kabi bir qancha morfobiokimyoviy jarayonlarning boshqarilishida ishtrok etadi. O'simliklarda fitoxrom genlar oilasining 6 ta vakili *phyA*, *phyB*, *phyC*, *phyD*, *phyE*, *PhyF* aniqlangan bo`lib, ular o'simlik turlariga qarab turlicha bo`ladi. Masalan *Arabidopsis thaliana* da *PhyA*, *PhyB*, *PhyC*, *PhyD*, *PhyE*, g`o`zaning



*Gossipium* turkumida *PhyA1*, *PhyA2*, *PhyB*, *PhyC*, *PhyE*, pomidorda (*Solanum lycopersicum*) *PhyA*, *PhyB1*, *PhyB2*, *PhyC*, *PhyE*, *PhyF*. Ushbu fotoretseptor genlarning o`simliklardagi funksiyasi o`rganilganda o`simliklarda bir qancha ijobiy natijalar olingan. Masalan, g`o`za o`simligida *PhyA1* genini RNKi texnologiyasi yordamida o`chirilishi o`simliklarda erta unish, gullash, tez pishish va tola sifat ko`rsatkichlarining yaxshilanishi kabi xususiyatlar kuzatilgan. Pomidorda (*Solanum lycopersicum*) *SlPhyB1* va *SlPhyB2* genlarining qizil nur ostida faollashishi natijasida o`simliklarda gipokotel qisqarishi, pigmentatsiya jarayonlarining buzilishi kabi fizologik xususiyatlarni ko`rsatgan.

Fitoxrom genlari kartoshkada (*Solanum tuberosum*) ham o`rganilgan bo`lib, bir qancha ijobiy natijalar olingan. Kartoshka o`simligida fitoxrom genlar oilasining *StPhyA*, *StPhyB*, *StPhyB2*, *StPhyE*, *StPhyF* vakillari aniqlangan. bu genlarning funksiyasi RNKi texnologiyasi yordamida o`rganilganda *StPhyB* geni boshqa fitoxrom genlariga nisbatan faolroq ekanligi tajribalar asosida ko`rsatilgan. RNKi o`simliklarida o`sish va rivojlanishning jadalligi, gullash va tugunak tugish fazalarining nisbatan ertaligi hamda tugunaklar soninig ortganligi bilan nazorat o`simlikdan farq qilganligi aniqlangan. *StPhyF* geni ham *StPhyB* geni bilan bir yo`nalishda ishlash aniqlangan. Arabidopsis *AtPhyB* genini kartoshkada funksiyasini kuchaytirilishi o`simliklarda poya va tugunaklar og`irligi hamda poya va uning bog`imlar orasining qisqarishi kuzatilgan.

Biz yuqoridagi keltirilgan ma`lumotlar asosida kartoshka *StPhyB* geni funksiyasini pasayishi o`simliklarda ijobiy natija berishini aniqladik. Lekin kartoshka *StPhyB* geni faoliyati RNKi texnologiyasi yordamida o`rganilgan bo`lib, bunda genning funksiyasi to`liq ochirilmaydi. Shundan xulosa qilib, biz kartoshka *StPhyB* genini zamonaviy gen tahrirlash texnologiyasi hisoblangan CRISPR/Cas9 vektorlar tizimidan foydalanib o`rganishga qaror qildik va *StPhyB* genini nishon qilgan CRISPR/Cas9 vektor konstruksiyasini tuzishda amaliy ishlar olib borilmoqda.



## ОЦЕНКА СОЛЕУСТОЙЧИВОСТИ ХЛОПЧАТНИКА КАНОНИЧЕСКОЙ ДИСКРИМИНАНТНОЙ ФУНКЦИЕЙ

Азимов<sup>1</sup> А.А., Усманов<sup>1</sup> Д.Е., Шрматов<sup>2</sup> Е.

<sup>1</sup> Центр геномики и биоинформатики АН РУз

<sup>2</sup> Научно-исследовательский институт ирригации и водных проблем Узбекистан  
googlazimov@gmail.com

В глобальном масштабе засоленность является серьезной проблемой, и более половины стран сталкиваются с этой проблемой с разной степенью поражения территории. Обычно это происходит в засушливых и полувасушливых регионах мира, особенно в низменных почвах из-за отложения свободных солей. По литературным данным известно, что при классификации регионов мира по засоленным почвам было обнаружено, что Азия, Тихий океан и Австралия являются регионами, сильно затронутыми засолением.

Исследования ряда авторов, в том числе Б.П.Строганова, Е.Ф.Иваницкой, И.К. Керефовой, Е. Шерматова и других показало, что, непосредственное действие солей на растение в процессе роста хлопчатника проявлялось в большей степени в торможении и растяжении клеток, чем их делении, что и обуславливает небольшие размеры органов и самого растения. С торможением ростовых процессов в условиях засоления в значительной мере изменяется и развитие хлопчатника. Таким образом, высокая концентрация солей в почве влияет на темпы ее развития. Задержка ростовых процессов хлопчатника значительно влияет и на прирост листовой поверхности, который под действием солей резко сокращается.

Селекция новых сортов и гибридов хлопчатника с высоким качеством и количеством урожая является важнейшим фактором интенсификации отрасли хлопководства. Хлопководство нуждается в новых сортах и гибридах хлопчатника с наилучшей комбинацией хозяйственно-ценных свойств и





признаков, а также устойчивых к болезням, вредителям и действию факторов внешней среды.

В Центре геномики и биоинформатики ведутся исследования, направленные по созданию устойчивой к соли биотехнологической линии сортов хлопчатника на базе современной генно-молекулярной технологии. Данное исследование будет произведено разделено по этапу от дифференциации и отбора существующих солеустойчивых сортов и молекулярно-генетического анализа для определения гена, отвечающего на устойчивость к соли до роста культуры, полученной на базе специально созданной векторной конструкции посредством рекомбинантной ДНК с последующим получением солеустойчивого растения.

Материалом для исследования служили данные, содержащие следующих показателей: сумма сульфатных и хлоридных солей на 100 г. почве, поверхностная плотность и площадь листовой пластинки и сухая масса листа хлопчатника, и классифицированные нами методом к-средних на три класса как устойчивые, средне устойчивые и мало устойчивые.

Для оценки солеустойчивости хлопчатника канонической дискриминантной функцией, являющиеся как прогнозная модель отнесения представленных данных в свой класс с возможно большей вероятностью, нами был использован статистический пакет программных процедур IBM Statistica SPSS 21.

В рамках дискриминантного анализа открываются возможности для оценки степени сходства/различия групп путём вычисления расстояний между их центроидами; определения списка признаков из числа учтённых, играющих наибольшую роль в межгрупповых различиях; оценки качества разделения групп.



Как и многие другие многомерные методы, дискриминантный анализ основан на построении линейных комбинаций признаков – функций, в которые каждый из них входит со своим коэффициентом (вкладом). В дискриминантном анализе линейные комбинации называются соответственно дискриминантными функциями:  $DF = b_1x_1 + \dots + b_ix_i + \dots + b_px_p + C$ , где  $DF$  – значение дискриминантной функции;  $x_i$  – численное значение  $i$ -го признака;  $b_i$  – вклад  $i$ -го признака в значение функции;  $p$  – число признаков;  $C$  – константа. Дискриминантный анализ обеспечивает объективное разделение групп за счёт минимизации внутригруппового разнообразия (дисперсии).

В результате работы программы получены две линейные модели дискриминантных функций с превосходными качествами разделения данных и отнесение их в свои группы достоверно в общей сложности, 96,2 % всех случаев.

## **ИЗМЕНЕНИЕ ПЛОЩАДЬ ЛИСТЬЯ У ОБРАЗЦОВ СОРТА ПШЕНИЦЫ В УСЛОВИЯХ ВОДНОГО ДЕФИЦИТА**

Бабоева С.С., Маткаримов Ф.И., Усмонов Р.М., Бузруков С.С.,  
Кимсанбоева М.С.

Институт генетики и экспериментальной биологии растений УзРФА  
sbaboyeva@gmail.com

Листовой поверхность — один из морфологических признаков, играющих важную роль в основных физиологических процессах растений. В результате суровой погоды климата 2022 года оказал большое влияние на морфологическое состояние многих растений. В нашем исследовании использовались образцы мягкой пшеницы узбекской селекции: Аср, Дурдона, Марс 1, Пахлавон, Ак марварид, Эоз, Кайрокташ, Андижан 4. Исследования проводились на Дорменском опытном поле Института генетики и экспериментальной биологии растений УзРФА. Сортовые образцы высаживали на оптимальном и засушливом



фоне, параметры листовой поверхности определяли с помощью лазерного сканера CI-202. Показатель листовой площади образцов мягкой пшеницы в оптимальных условиях составил у сорта Аср  $43,37 \pm 2,78 \text{ см}^2$ , у сорта Дурдона  $42,38 \pm 1,96 \text{ см}^2$ , у сорта Марс-1  $41,82 \pm 1,82 \text{ см}^2$ , у сорта Пахлавон  $33,23 \pm 1,11 \text{ см}^2$ ,  $36,84 \pm 1,62 \text{ см}^2$  у сорта Ак марварид,  $39,42 \pm 1,18 \text{ см}^2$  у сорта Эоз,  $34,04 \pm 1,58 \text{ см}^2$  у сорта Кайракташ и  $40,06 \pm 1,56 \text{ см}^2$  у сорта Андижан 4. Наибольший показатель отмечен у сорта Аср, а наименьший – у сорта Пахлавон. В образцах мягкой пшеницы в условиях водного дефицита индекс площади листьев составил  $39,90 \pm 2,73 \text{ см}^2$  у сорта Аср,  $38,35 \pm 2,18 \text{ см}^2$  у сорта Дурдона,  $39,40 \pm 3,01 \text{ см}^2$  у сорта Марс 1,  $39,16 \pm 3,16 \text{ см}^2$  у сорта Пахлавон,  $31,14 \pm 1,86 \text{ см}^2$  у сорта Ак марварид,  $43,01 \pm 1,80 \text{ см}^2$  у сорта Эоз,  $37,15 \pm 1,80 \text{ см}^2$  у сорта Кайракташ,  $44,05 \pm 5,51 \text{ см}^2$  у сорта Андижан-4. Самый высокий показатель отмечен у сорта Андижан 4, а самый низкий – у сорта Ак марварид.

У сортов Эоз, Пахлавон, Кайрокташ, Андижан 4, выращенных в условиях дефицита воды, показатель площадь листовой поверхности был выше на 9,1-17,8% по сравнению с растениями на оптимальном фоне. При этом расширение листовой поверхности было наибольшим у сорта Пахлавон.

Показатель площадь листовой поверхности у сортов Ак марварид, Аср, Дурдона, Марс 1, выращенных в условиях дефицита воды, был на 5,8-15,5 % ниже, чем у растений на оптимальном фоне. При этом снижение площадь листовой поверхности было самым низким у сорта Ак марварид.

Установлено, что изменение листовой поверхности в условиях водного дефицита у образцов сортов мягкой пшеницы селекции Узбекистана варьирует в зависимости от сортовых признаков.



## ГЕНЛАРНИ ПИРАМИДАЛАШ УСУЛИ ЁРДАМИДА ТОЛА СИФАТИ ЮҚОРИ ВА АБИОТИК ОМИЛЛАРГА БАРДОШЛИ ҒЎЗА НАВЛАРИНИ ЯРАТИШ

Дарманов М.М., Макамов А.Х., Ахмедов Р.Р., Буриев З.Т., Абдурахмонов И.Ю.

Геномика ва биоинформатика маркази  
muxtordarmanov@gmail.com

Ғўзанинг қурғоқчилик ва шўрланишга чидамлик ҳамда тола сифати каби белгиларини ҳосилдорлиги юқори бўлган ва эрта пишар навларга интрогрессия қилиш бутун дунё ғўза селекцион дастурининг муҳим вазифаларидан ҳисобланади. Молекуляр генетика ва геномиканинг замонавий “Генларни пирамидалаш” технологияси яъни, бир негча хўжалик муҳим аҳамиятга эга белгиларни бир генотипга жамлаш технологияси – янги, такомиллаштирилган навлар яратишда энг асосий стратегиялардан биридир. Генларни пирамидалаш технологияси қишлоқ хўжалик экинларининг янги навларини яратишда нав яратиш муддатини сезиларли даражада қисқартириши, меҳнат ҳажмини камайтириши ҳисобига селекция самарадорлигини оширади. Ҳар бир авлод дургайларда кўчириб ўтказилган локусларни аниқлаш имконини берувчи ДНК маркерларидан фойдаланиш пирамидалашни ишончилигини ва тезлигини оширади. Умуман олганда, ген пирамидалаш керакли аллеллар бўйича гомозигота бўлган идеал генотипни олишга қаратилган.

Бизнинг тадқиқотларимизда тола узунлиги ва пишиқлиги белгиларига бириккан QTL га эга бўлган L-141 ва C-4900 ғўза линияларини тупроқ шўрланиши ва қурғоқчиликка бардошли бўлган Зангиота ғўза нави ва Naricala-19 донор ғўза линияси билан дурагайлаб мураккаб дурагайлар олинган. Олинган дурагайлар ҳар бир авлодда тола узунлиги ва пишиқлиги ҳамда тупроқ шўрланиши ва қурғоқчиликка чидамлик белгиларига бириккан SSR (SSR-



Simple Sequence Repeats) ДНК маркерлари ёрдамида ПЗР скрининг қилиб борилган.

Беккросс ва ўз-ўзига чанглангириш орқали юқоридаги белгилар бўйича гомозигота ҳолатидаги  $BC_4F_8$  авлод линиялари олинган. Ушбу линиялардан якка танлов усули ёрдамида GenBio-4 нави танлаб олинган.

2021 ва 2022 йилларда олиб борилган синов тадқиқотларида GenBio-4 нави андоза нав Наманган-77 навига нисбатан умумий пахта ҳосили 11%, тола ҳосили 2 ц/га, тола текислиги 2%, тола штапель узунлиги 4 мм, торла пишиқлиги 4 г/к, 1 дона кўсакдаги пахта вазни 1,5 гр, 1000 дона чигит вазни 2-3 гр юқори эканлиги ва эртапиширлиги 5 кунга эрта эканлиги аниқланди.

Шунингдек, ушбу яратилган янги нави тола сифат белгилар таҳлил қилинганда тола пишиқлиги (Str) 33,0-34,0 гс/текс, тола узунлиги (Len) 1,20 дюйм, микронейри 4,3-4,4, эластиклиги 7,0-7,5 кўрсаткични намоён этди. Андоза сифатида олинган Наманган-77 навида эса тола пишиқлиги (Str) 29,0-30,0 гс/текс, тола узунлиги (Len) 1,13 дюйм, микронейри 4,5-4,6, эластиклиги 6,0-6,5 кўрсаткичга эга бўлди.

Олинган натижалардан шундай хулоса қилиш мумкинки, яратилган янги GenBio-4 нави тола сифати ва агрономик белгилари бўйича андоза навадан юқори эканлиги аниқланди. Бу эса битта генотипга жамланган QTL локуслари ғўзанинг янги GenBio-4 навида ўзининг ижобий таъсирини кўрсатмоқда.



## ИССЛЕДОВАНИЕ МОРФОЛОГИЧЕСКИХ ОТВЕТОВ СОРТОВ ХЛОПЧАТНИКА НА БИОСТИМУЛЯТОРЫ В УСЛОВИЯХ МОДЕЛЬНОГО СОЛЕВОГО СТРЕССА

Дарманов М.М., Нарматов С.Э., Ахмедов Р.Р., Буриев З.Т.

Центр геномики и биоинформатики  
muxtordarmanov@gmail.com

Хлопчатник - одна из самых прибыльных культур в мире. На урожайность хлопчатника влияют многие биотические и абиотические факторы, в том числе засуха, засоление, экстремальные температуры и патогены.

Абиотические стрессы являются одной из глобальных проблем роста и продуктивности растений. Абиотические стрессы являются наиболее важными причинами потери урожая у растений, что приводит к снижению урожая на 50%. На сегодняшний день актуально изучение эффективности биостимуляторов в повышении урожайности и качества волокна хлопчатника, обеспечении его устойчивости к различным болезням и вредителям.

Проведены исследования по оценке влияния биостимуляторов на морфологических ответов хлопчатника в условиях абиотического стресса. В качестве объекта исследования использовали хлопчатник сорта Порлок-4 (*G. hirsutum* L.) и биостимулятор Rizakom-1. Исследования проводились в условиях различных концентраций (0 мМ, 50 мМ, 100 мМ, 150 мМ) соли хлорида натрия (NaCl).

По результатам исследования, всхожесть семян у образцов, обработанных биостимулятором Rizakom-1, была на 16% выше при концентрации соли 50 мМ, на 13,7 % при концентрации соли 100 мМ и на 16,2 % выше при концентрации соли 150 мМ, чем у контрольных растений.

Данные исследований показали, что подавление скорости роста и зеленой массы (n/n) сорта Порлок-4 достигло 10,2/22,2% при концентрации соли 50 мМ,



при концентрации соли 100 мМ - 20,6/40,0% и при концентрации соли 150 мМ было 34,1/54,4% соответственно.

Ведутся исследования по изучению экспрессии генов-кандидатов, связанных с абиотическим стрессом, у хлопчатника под влиянием этих биостимуляторов.

## **ЗАРАЖЕНИЕ ТОМАТОВ ХЛОПКОВОЙ СОВКОЙ *HELICOVERPA ARMIGERA* HBN.**

Кушаков Ш.О., Имамходжаева А.С., Рахматова Н.Р., Зупарова Д.М.,  
Нормаматов И.С., Буриев З.Т.

Центр Генетики и Биоинформатики  
khushakovsh.@ mail.ru

В Узбекистане, в частности, одной из наиболее остро стоящих проблем является проблема обеспечения растущего населения доступной, натуральной и качественной пищей. Причиной значительного снижения урожайности в производстве томатов связана с хлопковой совкой.

Широко распространенный многоядный вид, приносящий наибольший вред тамогам и другим культурам: Хлопковая совка *Helicoverpa armigera* hbn. семействе совок, - Noctuidae. Относится к роду Chloridea.

Хлопковая совка широко распространена в Центральной Азии, Закавказье, на Юге России и Украине. В Узбекистане гусеницы данного вредителя ежегодно наносят вред тыквенным, и хлопковым полям во всех зонах: повреждают, цветы, зеленые и спелые ягоды, которые усыхают, осыпаются либо загнивают. Потери урожая при этом составляют от 20 до 35 %, а при высокой численности может быть уничтожен практически весь урожай.

Бабочки хлопковой совки ведут ночной образ жизни. Днем они скрываются в тенистых зарослях сорняков или полевых и огородно-бахчевых культурах



(хлопчатник, люцерна, томат, тыква.). С наступлением сумерек начинается лет бабочек, во время которого происходит спаривание и питание нектаром цветов. Поздней осенью, во второй половине октября, можно наблюдать дневной лет бабочек. В это время года дневные температуры сильно снижаются, и бабочка не перегревается. В конце лета лет бабочек значительно расширяется. Осенью (сентябрь, октябрь) количество цветущих растений тоже невелико. Из нектароносов основную роль в питании хлопковой совки в это время играют мята обычная, встречающаяся по арыкам, цветущая люцерна и отчасти встречающаяся местами, на засоленных землях позднее цветущие виды растений. Яйца откладываются самкой вразброс, по одному, редко по два на листья, бутоны, цветы и плоды кормовых растений.

На томатах они приклеиваются главным образом на верхнюю сторону молодых листьев, на точку роста, прицветники, цветки, но только с момента бутонизации. Потенциальная плодовитость самок хлопковой совки чрезвычайно велика: средняя определяется в 3000 яиц, почти 70% яиц рождается гусеницы. Они питаются бутонами, потом внутри завязи и плодами. На томатах хлопковая совка появляется к моменту начала бутонизации, повреждают цветочные почки и молодые бутончики верхушечной части растения. Последнее (осеннее) поколение развивается в небольшом числе особей не только ввиду общего уменьшения плодов, но и вследствие преимущественной откладки яиц в этот период на некоторые другие культуры (тыкву, люцерну). Гусеницы вылупляющихся из яиц отложенных на листьях. Питание листьями в таких случаях обычно продолжается 2-3 дня, а в дальнейшем гусеницы переползают на бутоны, цветки, плоды. Только при очень сильной зараженности томатов наблюдается уничтожение всех плодов.





На протяжении 2020–2022 гг. проводился мониторинг численности хлопковой совки томатах в сортах Темп, Волгоградский, Юсуповский, в условиях в Центр Генетики и Биоинформатики общепринятыми методиками. Сроки лёта вредителя определяли с помощью феромонных ловушек, которые равномерно вывешивали на высоте размещения соцветий расчетом 0,5 га площади 5 феромонной ловушке. В наших исследованиях 2020 году, когда температура почвы повысилась до 16-17С<sup>0</sup>, первые бабочки появились во второй декаде мая, в следующий декаде попаданий бабочек увеличивалась от 1 до 5 особей. После спаривания самки через 3-5 дней начали откладки яиц на цветочках от 2-5штук. Рождение гусениц из яиц зависит от температур и продолжался от 3-10 дней. Цикл развитие гусениц 15-30 дней. Закончив развитие гусеницы, уходят в почву на глубину 5-10 см, проделывая ходы, выстилая его шелковинками, и там окукливаются. Развитие куколки продолжался от 12-15 дней. С наступлением осени в сентябре и октябре появляется последнее поколение бабочек, уходящих на окукливание. Во время наших исследований хлопковая совка развивалась в четырех поколениях. 2021 году хлопковая совка развивалась только в 3 поколениях. И наименьше количество бабочек хлопковой совки.

В 2020–2022 годах был установлен процент повреждения томатов хлопковой совкой в полях. На сортах Темп, Волгоград, Юсуповский в наших опытах с контролем. При заражении гусеницами хлопковой совки томатов на сортах Темп в период цветения, урожай оказался на 68,2% ниже, чем в контроле. Определено, что с каждого растения потеря урожая составила 2,15 кг. Растения, зараженные хлопковой совкой во время плодоношения, показали снижение количества плодов на 50,1% по сравнению с контролем. На некоторых кустах потеря урожая составила 1,3 кг. Следующий: на сортах Волгоград в период



цветения, урожай оказался на 51,2% ниже, чем на контроле. Определено, что с каждого растения потеря урожая составила 2,10 кг.

Растения, зараженные хлопковой совкой во время плодоношения, показали снижение количества плодов на 40,1% по сравнению с контролем. С каждого куста потеря урожая составила 0,8 кг.

На сортах Юсуповский в период цветения, урожай оказался на 71,2% ниже, чем в контроле. Определено, что с каждого растения потеря урожая составила 2,16 кг. Растения, зараженные хлопковой совкой во время плодоношения, показали снижение количества плодов на 54,2% по сравнению с контролем. С каждого куста потеря урожая составила 1,7 кг.

Следующие результаты были получены при изучении ЭПВ в тепличных условиях хлопковой совки. Если на 1 растение приходится 1 гусеница хлопковой совки, то по сравнению с контролем количество плодов уменьшается на 13,2 штук, а масса плодов каждого растения томата была на 1240,3 г меньше.

Во втором варианте эксперимента, когда на 1 растение были выпущены 2 гусеницы хлопковой совки, по сравнению с контролем урожай плодов уменьшился на 1856,3г с куста, а коэффициент повреждения составил 80,2%.

Наши исследования показали, что хлопковая совка является опасными вредителями для томатов. Эксперименты показали, что экономически опасным пороговым критерием (ЭВП) в период созревания в теплице и открытом грунте было наличие 0,06 гусениц хлопковой совки на куст, т.е. на 100 кустов 6 или более гусениц.

Рекомендуется против гусениц хлопковой совки применение следующие микробиологические препараты: Дендробациллин 0,8 – 1,0 л/га, а также химические средства для опрыскивания: Бензофасфат 30% с.п. -1,7- 2,3 л/га,



Залон 35% к.э. -1,5- 2,0 л/га, Децис 2,5% к.э. -0,5 л/га. И соблюдать меры предосторожности при работе с химическими препаратами.

## **“ПОРЛОҚ-4” ҒЎЗА НАВИ СИНОВ НАМУНАЛАРИНИНГ ЛАБОРАТОРИЯ ТАҲЛИЛ НАТИЖАЛАРИ**

Маманазаров Ш.И., Муҳаммадов Й.А., Ачилов С.Г., Мирзоёқубов К.Э.,  
Дармонов М. М.

Геномика ва биоинформатика маркази  
mamanazarovsharofiddin62@gmail.com

Ўзбекистонда пахтачилик соҳасида олиб борилаётган ислохотларнинг асосий вазифаларидан бири, бу – пахта экин майдонларини оширмасдан туриб пахта хомашёсининг сифатини ва ҳосилдорлигини ошириш, юқори сифатли уруғлар ишлаб чиқариш ҳажмини кўпайтириш, тола сифати ва чиқимини ошириш ҳамда ер ва сув ресурсларидан оқилона фойдаланиш ҳисобланади.

Тадқиқот учун “Порлоқ-4” ғўза нави танлаб олинди. “Порлоқ-4” ғўза навининг морфологик белгилари: вегетацион ривожланиш даври 110-115 кун, ўсимликнинг бўйи 110-115 см, шохланиши 1-2 тип, поя шакли пирамидасимонва ўртача тукланган, барглари ўртача катталиқда, 3-5 бўлакли, гули оч сариқ, кўсаги йирик, овалсимон учли. Илмий тадқиқот ишлари Геномика ва биоинформатика марказининг махсус уруғчилик хўжалигининг тажриба дала майдонида экилган “Порлоқ-4” ғўза навининг биринчи йил уруғлик кўпайтириш кўчатзорида 3 та дала кўриги натижаларидан кейин навга хос бўлган юқоридаги морфологик белгиларга эга бўлган, соғлом ва тўлиқ очилган 112 оиладан 112 синов намуналари танлаб олинди. Синов намуналарининг лаборатория усуллари ёрдамида 1 дона кўсак оғирлиги, тола узунлиги ва тола чиқими лаборатория усуллари ёрдамида махсус уруғчилик хўжалигининг уруғчилик лабораториясида таҳлил қилинди. Бунинг натижасида сифат кўрсаткичлари юқори бўлган ўсимлик ва оилалар танлаб



олинди. Бу ўз навбатида навнинг нав белгилари хусусияти яхшилинишига, шу билан бирга уруғчилик самарадорлиги ошишига ва келгуси йилдаги уруғлик кўчатзоримизда навдорлиги юқори бўлган уруғликлар ҳажмини оширади.

Олинган статистик вариацион таҳлил натижалари шуни кўрсатдики, битта кўсакдаги пахта оғирлиги бўйича, 112 синов намуналари 4 та вариацион синфни ташкил қилди. Шу жумладан, синфлар бўйича битта кўсак оғирлиги 5,0 г бўлган намуналар 30 та, 5,5 г бўлган намуналар 59 та, 6,0 г бўлган намуналар 18 та ва 6,5 г бўлган намуналар 5 тани ташкил қилди. Кўсак оғирлиги бўйича учраш эҳтимоли энг кўп бўлган намуналарнинг ўртача қиймати 5,6-5,7 г ни ташкил этди. Бу кўрсаткич 2-вариацион синфда, 59 та намунада учради.

Тола чиқими белгиси бўйича статистик таҳлил қилинган намуналар 8 та вариацион синфни ташкил қилди. Синфлар, тола чиқими бўйича 33,5 % ли намуналар 2 та, 34 % ли намуналар 15 та, 34,5% ли намуналар 18 та, 35% ли намуналар 21 та, 35,5% ли намуналар 23 та, 36 % ли намуналар 22 та, 35,5-35,6 % ли намуналар 5 та, 37 % ли намуналар 2 тани ташкил қилди. Тола чиқими белгиси бўйича учраш эҳтимоли энг кўп бўлган намуналарнинг ўртача қиймати 35,7 га эга бўлди. Чунки вариацион таҳлил натижаси 95 % кузатиш эҳтимолида тола чиқими белгисининг умумий ўртача интервали 35,7-35,8 % оралиғида эканлиги аниқланди. Бу кўрсаткич 5-вариацион синфда, 23 та намунада учради. Тола узунлиги белгиси бўйича статистик таҳлил қилинган намуналар 4 та вариацион синфни ташкил қилди. Синфлар тола узунлиги бўйича 36 мм бўлган намуналар 27 та, 37 мм бўлган намуналар 54 та, 38 мм бўлган намуналар 18 та, 39 мм бўлган намуналар 5 тани ташкил қилди. Тола узунлиги белгиси бўйича учраш эҳтимоли энг кўп бўлган намуналарнинг ўртача қиймати 36,5-37,0 мм га эга бўлди. Чунки вариацион таҳлил натижаси 95 % кузатиш эҳтимолида тола узунлиги белгисининг



умумий ўртача интервали 37,0-37,3 мм оралиғида эканлиги аниқланди. Бу кўрсаткич 2-вариацион синфда, 54 та намунада учради

Олиб борилган тадқиқот ишларимиздан шундай хулосага келиш мумкинки, “Порлоқ-4” ғўза навининг биринчи йил уруғ кўпайтириш кўчатзори ўсимликларидан териб олинган синов намуналарини таҳлил қилиш натижасида битта кўсак оғирлиги 5,6-5,7 г, тола чиқими 35,7-35,8 % тола узунлиги 37,0-37,3 мм бўлиб, навнинг барқарорлигини сақлаш ҳамда уруғчилиги самарадорлигини оширишда юқоридаги кўрсаткичга эга намуналар чигитларидан фойдаланишни тавсия этилади.

### **ЎРТА ТОЛАЛИ ПОРЛОҚ-4 ҒЎЗА НАВИНИНГ ДАЛА УНУВЧАНЛИГИ ВА ПАХТА ҲОСИЛДОРЛИГИ (ТОШКЕНТ ВИЛОЯТИ ТИПИК БЎЗ ТУПРОҚЛАРИ ШАРОИТИДА)**

Ш.И.Маманазаров, Й.А.Муҳаммадов, Ш.М. Хўжамбердиева,  
К.Э.Мирзоёқубов, С.Г.Ачилов, М.М.Дармонов

Геномика ва биоинформатика маркази

Республикамиз шароитида чигитни ундириб олиш ва ўсимликларни парваришlashда об-ҳаво ноқулайликлари, турли тупроқ шароитлари ва бошқалар ўзига хос қийинчиликларни келтириб чиқаради. Баъзан ёғингарчиликлар, паст харорат ёки қурғоқчилик бўлса баъзан касалликлар ва бошқа сабаблар билан экинлар ҳосилдорлиги камайиб кетади. Чигитни соғлом униб чиқишини таъминлаш ва ўсиб ривожланишига қулай шароит яратиш мўл ва сифатли ҳосил олишга имкон яратади.

Ўзбекистон Республикаси Президентининг 2019 йил 17 июндаги “Қишлоқ хўжалигида ер ва сув ресурсларидан самарали фойдаланиш чора тадбирлари тўғрисида”ги ПФ-5742-сонли фармонида қишлоқ хўжалиги экинлари, шу



жумладан, ғўза ва бошоқли дон экинларининг уруғларини тайёрлаш ва экспорт қилишнинг замонавий тизимини шакллантириш юклатилган.

Чигитнинг унувчанлиги экишга яроқлилигини белгилайдиган энг муҳим кўрсаткичдир. Уруғнинг унувчанлиги ғўзанинг кўчат қалинлигига, бир вақтда кийфос ривожланишига ҳамда бошқа белгиларига катта таъсир кўрсатади. Лаборатория шароити қулай бўлганлигидан уруғларнинг унувчанлиги дала шароитидагига нисбатан доимо юқори бўлади.

Тадқиқотлар Геномика ва биоинформатика марказининг махсус уруғчилик хўжалиги тажриба даласида олиб борилди. Тажриба ўтказилаётган майдон тупроғи қадимдан суғориладиган типик бўз тупроқ бўлиб, сизоб сувлари 18-20 метр чуқурликда жойлашган, тупроқнинг механик таркиби оғир қумоқли тупроқлардир.

Олиб борилган тадқиқотда ўрта толали Порлоқ-4 ғўза навининг дала унувчанлиги ва ҳосилдорлик кўрсаткичлари аниқланган. Дала тажрибаси “Дала тажрибаларини ўтказиш услублари” Тошкент-2007 қўлланмаси асосида олиб борилди.

Тажрибада “Порлоқ-4” ғўза навининг чигитлари 90x20x1 экиш тизимида, 3 қайтариқда, ҳар бир қайтариқнинг узунлиги 20 метрдан 100 та уяга 5 дондан чигит қўлда экилди. Дастлаб уруғлик учун териб олинган пахта хом-ашёси толасидан ажратиб олингандан сўнг чигитлар туксизлантирилди. Кам тукли чигитлар саралаш жараёнидан ўтгандан сўнг Kruzer Extra Cotton (3 л/тонна) препарати билан ишлов берилди.

Ерни экишга тайёрлаш ишлаб чиқаришда қабул қилинган оддий технология бўйича бажарилади. Чигит униб чиқиши асосан тупроқнинг қизишига ва намлигига боғлиқ, бунда тупроқ қатлам чуқурликларининг намлиги



куйидагича бўлади: 0-5 см 13-15%, 5-10 см 14-19%, экиш чуқурлиги эса 3-5 см орасида бўлади.

Ўтказилган дала тажрибаларида чигитлар униб чиқа бошлагандан сўнг фенологик кузатувлар олиб борилди. Чигитлар қийғос униб чиқгандан сўнг кузатув олиб борилганда қайтариқлар бўйича мутоносиб равишда чигитнинг дала унувчанлиги 78,7-75,4-77,2 % ни, ўртача 77,1 % ни ташкил этди. О'zDSt 663:2017 бўйича синов натижалари 92 % ни ташкил этган.

Мазкур тадқиқотда вегетация давомида барча агротехник тадбирлар ўтказилиб мавсум охирида пахта ҳосилдорлик кўрсаткичлари ҳисобга олинганда қайтариқлар бўйича мутоносиб равишда 39,5-37,4-40,7 ц/га, ўртача ҳосилдорлик 39,2 ц/га ни ташкил этди.

Ушбу тадқиқот натижаларига кўра “Порлоқ-4” гўза нави чигитларининг дала унувчанлиги 77,1 % ни ташкил қилиб, чигитлар Kruzer Extra Cotton препарати билан ишлов берилганда чигитларнинг униб чиқишида, гўза ниҳолларининг гоммоз, илдиз чириши, шира, трипслар ва бошқа ҳашаротлардан маълум вақт давомида ҳимоялаб, юқори ва сифатли ҳосил олишга эришилди.

## **СРАВНИТЕЛЬНОЕ ОПРЕДЕЛЕНИЕ СОДЕРЖАНИЯ АНТИНУТРИЕНТОВ В RNAi ЛИНИЯХ ХЛОПЧАТНИКА**

Маматкулова Ш.Х., Камбурова В.С., Маматкулова Г.Ф., Исомиддинова О.Л.

Центр Геномики и биоинформатики  
mamatkulova89@mail.ru

Биологически антинутриенты являются защитными молекулами, тогда как с точки зрения питания они препятствуют нормальному росту и развитию. Хотя растения содержат множество антипитательных веществ, они снижают использование питательных веществ, поглощение пищи, поглощение и



доступность питательных веществ. Примерами антинутриентов в растительной пище являются фитаты, оксалаты, фенольные соединения, сапонины и так далее.

Госсипол является основным терпеноидом, присутствующим в семенных железах, и большинство коммерческих семян хлопчатника содержат 0,52–1,01% госсипола. Терпеноиды, к которым относится госсипол, являются наиболее изученными защитными веществами хлопчатника. Вследствие того, что госсипол и госсипол-подобные соединения токсичны как для беспозвоночных, так и для позвоночных, его относят к основным токсинам хлопчатника.

Т.к. часто антинутриенты являются токсинами, их определение является обязательным при оценке существенной эквивалентности. В связи с вышеизложенным, целью данной работы являлось определение качественного и количественного содержания антинутриентов, включая госсипол, в семенах хлопчатника.

Определение госсипола проводили методом ТСХ на пластинке с силикагелем со стандартным образцом госсипола в системе бензол-этанол в соотношении 9:1. Количественное содержание госсипола ( $R_f 0,51$ ) определяли по площади пятен. Для расчета площади пятен использовали логарифмическое уравнение, описанное в литературе. Содержание общих полифенолов определяли спектрофотометрически по оптической плотности растворов, образовавшихся при взаимодействии реактива Фолина-Чокальтеу с рутином, при длине волны 720 нм.

Для получения экстракта семена хлопка сушили при 60°C и измельчали в порошок. 200 г растительного порошка экстрагировали 200 мл этанола (95% m/v) в течение 24 часов, процеживали и экстракт концентрировали досуха при 60°C на водяной бане.





Для проведения фитохимического скрининга (обнаружения основных антинутриентов – алкалоидов, сапонинов, флавоноидов, гликозидов, фитостеролов, терпеноидов, антрахинонов) использовали методы качественного анализа, описанные в работе Sanu et al. (2022).

Результаты показали, что выход госсипола из сырья и суммарное содержание фенолов в семенах хлопчатника в пересчете на рутин в семенах интрагенных линий хлопчатника (RNAi\_FRS10 и pSyn-FoSTUA) значительно не отличаются от аналогичных показателей материнской линии. При этом у трансформированных линий хлопчатника (RNAi\_FRS10 и pSyn-FoSTUA) наблюдалось незначительное снижение уровня госсипола в семенах.

Кроме того, сравнительный качественный фитохимический скрининг RNAi\_FRS10 и pSyn-FoSTUA линий не выявил отличий от контрольной линии Кокер-312 и показал отсутствие алкалоидов, флавоноидов, цианогенных гликозидов, сапонинов, антрахинонов и терпеноидов в семенах хлопчатника.

Данные результаты, позволяют судить, что введение в геном хлопчатника генетических конструкций RNAi\_FRS10 и pSyn-FoSTUA не оказало влияния на биосинтез токсичных антинутриентов и, следовательно, не повысило токсического потенциала семян хлопчатника.

## **ОПРЕДЕЛЕНИЕ СОДЕРЖАНИЯ МАКРОНУТРИЕНТОВ В RNAI ЛИНИЯХ ХЛОПЧАТНИКА**

Маматкулова Ш.Х., Камбурова В.С., Маматкулова Г.Ф.

Центр Геномики и биоинформатики  
mamatkulova89@mail.ru

Определение существенной эквивалентности предполагает проведение сравнительного анализа признаков, влияющих на уровень безопасности и



питательную ценность пищевых продуктов. При этом тщательному анализу подвергается информация, касающаяся характеристик исходного организма, от которого взят ген, предназначенный для трансгеноза, а также характера генетической модификации. Далее проводят сравнительный анализ ГМО и исходного (немодифицированного) организма. Для этого проводят сравнительную оценку по основным молекулярным и композиционным показателям, включая профили основных макронутриентов.

К основным макронутриентам относят белки, жиры и углеводы. Изменение их содержания оказывает значительное влияние на питательную ценность полученного трансгенного растения. В связи с этим, одним из основных параметров, определяемых при оценке существенной эквивалентности, является содержание белков, жиров и углеводов.

Содержание растворимых сахаров в пересчете на сахарозу определяли рефрактометрическим методом. Содержание крахмала в собранных экстрактах определяли антроновым методом. Определение содержания масла в семенах (масличность) определяли стандартным методом исчерпывающей экстракции бензином. Содержание метиловых эфиров ЖК определяли методом газовой хроматографии. Содержание белка в ядрах семян хлопчатника определяли после предварительной минерализации пробы с серной кислотой с последующим определением белкового азота с реактивом Несслера. Для фракционирования белков производили экстракцию белков соответствующими растворами: 1 - водорастворимые белки – дистиллированной водой (альбумины); 2 – солерастворимые белки – 10% NaCl (глобулины); 3 – щелочерастворимые белки – 0,2 % NaOH (глутенины); 4 – спирторастворимые белки – 70 % спиртом (проламины); 5-остаточная фракция белков. Затем каждую фракцию белков семян хлопчатника в растворе определяли спектрофотометрическим методом.



Полученные результаты по определению содержания углеводов в семенах хлопчатника интрагенных и контрольных линий показали, что содержание сахарозы и крахмала у трансформированных линий хлопчатника RNAi\_FRS10 и pSyn-FoSTUA статистически значимо не отличалось от аналогичных параметров у контрольной линии Кокер-312.

При изучении сравнительной масличности семян было обнаружено, что данный параметр у трансформированных линий хлопчатника RNAi\_FRS10 и pSyn-FoSTUA статистически достоверно не отличался от аналогичного показателя у контрольной линии Кокер-312. При исследовании качественного состава масла в семенах хлопчатника различных линий было обнаружено, что основными ЖК во всех исследованных образцах были пальмитиновая кислота (16: 0), олеиновая (18: 1) и линолевая (18: 2). На эти три ЖК приходится более 90% общего содержания ЖК в семенах хлопчатника. При этом ЖК состав у геннокаутных сортов практически не отличался от такового у контрольной линии Кокер-312.

В ходе исследования общего содержания белков и белкового азота в семенах хлопчатника различных линий показано, что все 3 линии значительно не отличались по общему содержанию белков и белкового азота. Только у линии RNAi\_FRS10 наблюдалось незначительное снижение уровня общего белка, что может быть обусловлено подавлением экспрессии гена FRS10, что, в свою очередь, приводит к снижению синтеза соответствующего белка. При исследовании фракционного состава белков семян интрагенных линий хлопчатника (RNAi\_FRS10 и pSyn-FoSTUA) в сравнении с исходной линией Кокер-312 было выявлено, что основными фракциями являются водорастворимые фракции (альбумины) по сравнению с соле-, щёлоче- и спирторастворимыми фракциями (глутенины и проламины). Кроме того, при



проведении сравнительного анализа фракционного состава (белковый профиль по фракциям) у интрагенных линий хлопчатника (RNAi\_FRS10 и pSyn-FoSTUA) обнаружили практически идентичное содержание глобулинов, глютелинов и протаминов. Фракция спирторастворимых белков является минимально представленной для всех исследуемых образцов семян хлопчатника.

Таким образом, полученные результаты, позволяют судить, что введение в геном хлопчатника генетических конструкций RNAi\_FRS10 и pSyn-FoSTUA не оказало значимого влияния на биосинтез основных макроэлементов и, следовательно, не снизило питательной ценности семян хлопчатника.

### **ТУРЛИ СУВ РЕЖИМИ ШАРОИТЛАРИДА *G.BARBADENSE* L. ТУРИГА МАНСУБ ИНГИЧКА ТОЛАЛИ ҒЎЗАНИНГ F<sub>1</sub> ДУРАГАЙЛАРИДА БАРГЛАРДАГИ УМУМИЙ СУВ МИҚДОРИ БЕЛГИСИНИНГ ИРСИЙЛАНИШИ**

Набиев С.М., Юлдашов Ў.Ҳ. Чоршанбиев Н.Э.  
ЎзР ФА Генетика ва ўсимликлар экспериментал биологияси институти  
igebr@academy.uz

Ўзбекистон республикасида муҳитнинг биотик ва абиотик стресс омилларига чидамли бўлган ингичка толали ғўза майдони йилдан-йилга кенгайиб бораётгани бу тур бўйича тадқиқотлар олиб борилишини талаб этади. Шундан келиб чиққан ҳолда, тадқиқотларимиз объекти сифатида *G.barbadense* L. турига мансуб ингичка толали ғўзанинг янги Т-1, Т-5440, Т-2006, Т-10, Т-167, Т-5445, Т-450 ва Т-663 тизмалари, андоза Сурхон-14 нави, уларнинг F<sub>1</sub> дурагайлари хизмат қилди.

Сув билан оптимал таъминланганлик шароитида ўсимлик баргларидаги умумий сув миқдори (БУСМ) нинг энг юқори кўрсаткичлари Т-5440 ва Т-5445 тизмаларида (мос равишда 85,5% ва 81,1%), энг паст кўрсаткич эса Т-167 тизмасида (76,4%) аниқланди. F<sub>1</sub> дурагайларида белгининг энг юқори



кўрсаткичлари Т-663 х Т-167 (83,1%), Т-450 х Т-5440 (82,3%) ва Т-450 х Т-5445 (81,6%) комбинацияларида, энг паст кўрсаткичлар эса Т-5445 х Т-450, Т-450 х Сурхон-14 ва Т-167 х Т-450 комбинацияларида (мос равишда 78,1%, 78,4% ва 78,6%) қайд этилди.

БУСМ белгиси оптимал сув режимида 24 та  $F_1$  дурагайларининг 7 тасида ижобий ўта доминантлик, 8 тасида салбий ўта доминантлик, 1 тасида ижобий тўлиқ доминантлик ва 1 тасида салбий тўлиқ доминантлик, 5 тасида юқори кўрсаткичли шаклнинг тўлиқсиз доминантлиги, 1 тасида паст кўрсаткичли шаклнинг тўлиқсиз доминантлиги, 1 тасида эса оралик, яъни юқори ёки паст кўрсаткичли ота-она шаклларининг доминантлиги бўлмаган ҳолатларда ирсийланди. Шундай қилиб, БУСМ белгиси оптимал сув режимида асосан, ижобий ва салбий ўта доминантлик ҳолатида ирсийланди. Паст даражадаги ижобий гетерозис Т-663 х Т-167 комбинациясида (103,7%), салбий гетерозис эса Т-5445 х Т-450 комбинациясида (97,6%) қайд этилди.

Сув танқислигида барча ўрганилган ота-она шакллари ва дурагайлар генотипларида барглардаги умумий сув миқдори турли даражада камайди. Бунда ота-она шакллари гуруҳида белгининг энг юқори кўрсаткичлари Т-450, Т-2006, Т-10 ва Т-663 тизмаларида (мос равишда 76,3%; 75,0%; 74,9%; 74,5%), энг паст кўрсаткич эса Сурхон-14 навида (67,1%) қайд этилди.  $F_1$  дурагайларида БУСМ белгисининг энг юқори кўрсаткичлари Т-167 х Т-1 (79,6%), Т-2006 х Сурхон-14 (79,1%) ва Т-450 х Т-167 (79,0%) комбинацияларида, энг паст кўрсаткич (69,6%) эса Т-663 х Т-450 дурагайида аниқланди.

Доминантлик коэффициенти ( $h_p$ ) кўрсаткичларининг таҳлилига кўра, сув танқислиги шароитида БУСМ белгиси 24 та  $F_1$  дурагайларининг 13 тасида ижобий ўта доминантлик, 1 тасида салбий ўта доминантлик, 3 тасида юқори кўрсаткичли шаклнинг тўлиқ доминантлиги, 7 тасида юқори кўрсаткичли



шаклининг тўлиқсиз доминантлиги ҳолатларида ирсийланди. Бу эса БУСМ белгисининг сув танқислигида  $F_1$  дурагайларида асосан, ижобий ўта доминантлик ва юқори кўрсаткичли ота ёки она шаклининг тўлиқсиз доминантлиги ҳолатларида ирсийланганини кўрсатади. Ижобий гетерозис самараси 103,5% дан (Т-450 х Т-167, Т-167 х Т-663) то 110,9% гачани (Т-167 х Т-1) ташкил қилди. Салбий гетерозис Т-663 х Т-450 комбинациясида (93,4%) қайд этилди.

Мослашувчанлик коэффициенти (Кмос.) кўрсаткичларига кўра, БУСМ белгиси бўйича сув танқислигига нисбатан кучли таъсирчанлик Сурхон-14 нави, Т-5445 ва Т-5440 тизмаларида, кучсиз таъсирчанлик эса Т-2006, Т-450 ва Т-10 тизмаларида,  $F_1$  дурагайлари гуруҳида кучли таъсирчанлик Т-663 х Т-450 ва Т-663 х Т-167 комбинацияларида, кучсиз таъсирчанлик эса кўплаб  $F_1$  дурагайларида қайд этилди.

Олган натижаларимиз ингичка толали ғўза нав ва тизмаларини ўзаро чатиштиришдан олинган  $F_1$  дурагайларида сув танқислигига ўсимлик баргларидаги умумий сув миқдори бўйича мослашишлари ота-она шаклларида юқорироқ бўлганидан далолат беради.

### **ТУРЛИ СУВ РЕЖИМИ ШАРОИТЛАРИДА ИНГИЧКА ТОЛАЛИ ҒЎЗАНИНГ $F_1$ ДУРАГАЙЛАРИДА БАРГЛАРДАГИ ТРАНСПИРАЦИЯ ЖАДАЛЛИГИ БЕЛГИСИНИНГ ИРСИЙЛАНИШИ**

Набиев С.М., Матниязова Ҳ.Х., Чоршанбиев Н.Э.

ЎзР ФА Генетика ва ўсимликлар экспериментал биологияси институти  
igebr@academy.uz

Тадқиқотларимизда ингичка толали ғўза нав ва тизмалари, уларнинг  $F_1$  ўсимликлари оптимал сув режими (суғориш схемаси 1-2-1) ва сув танқислиги (суғориш схемаси 1-1-0) фонларида етиштирилди. Сув билан оптимал



таъминланганлик шароитида, яъни назорат вариантыда ота-она генотиплари гуруҳида ўсимлик баргларидаги транспирация жадаллиги ( $\text{mgH}_2\text{O}/1\text{г. хўл барг} \times 1$  соат) Т-10 ва Т-167 тизмаларида энг юқори бўлиб, мос равишда 385,17 мг ва 379,48 мг ни, белгининг энг паст кўрсаткичи эса Т-1 тизмасида қайд этилиб, 256,13 мг ни ташкил этди.

F<sub>1</sub> дурагайлари гуруҳида Т-663 х Т-5445, Т-663 х Т-167 ва Т-663 х Т-450 комбинациялари ўсимликлари энг юқори транспирация жадаллигига (мос равишда 397,84 мг, 387,49 мг ва 385,12 мг), Т-10 х Т-167 комбинацияси ўсимликлари эса энг паст транспирация жадаллигига (250,51мг) эга бўлдилар. Қолган F<sub>1</sub> дурагайларида баргларидаги транспирация жадаллиги ушбу икки чекка гуруҳлар кўрсаткичлари оралиғида бўлди. Транспирация жадаллиги белгиси оптимал сув режимида 24 та F<sub>1</sub> дурагайлариининг 4 тасида ижобий ўта доминантлик, 11 тасида салбий ўта доминантлик, 3 тасида юқори кўрсаткичли шаклнинг тўлиқсиз доминантлиги ва 6 тасида салбий тўлиқсиз доминантлик ҳолатларида ирсийланди.

Оптимал сув режимидагига нисбатан сув танқислиги шароитида барча ота-она ва F<sub>1</sub> дурагайлари генотиплари ўсимликларининг баргларидаги транспирация жадаллиги турли даражада камайди. Сув стресси фонида ота-она шакллари гуруҳида транспирация жадаллигининг юқори кўрсаткичлари Т-450 ва Т-2006 тизмаларида қайд этилиб, ўртача кўрсаткич мос равишда 279,74 мг ва 270,21 мг ни, энг паст кўрсаткич эса Т-663 тизмасида бўлиб, 111,49 мг ни ташкил этди. Таъкидлаш лозимки, андоза Сурхон-14 нави ҳам ўсимлик баргларидаги транспирация жадаллигининг нисбатан паст кўрсаткичига (171,19 мг) га эга бўлди. Сув танқислиги фонида F<sub>1</sub> дурагайлари гуруҳида баргларидаги транспирация жадаллигининг нисбатан юқори кўрсаткичлари Т-663 х Т-5445 (376,03 мг), Т-450 х Т-167 (345,40 мг) ва Т-167 х Т-10 (337,12 мг)



комбинацияларида, энг паст кўрсаткичлар эса Т-167 х Т-1 (144,23 мг), Т-10 х Т-5445 (191,18мг), Т-663 х Т-167 (200,55 мг) ва Т-663 х Т-450 (208,70 мг) дурагайларида қайд этилди. Сув стресси шароитида ушбу белги 24 та F<sub>1</sub> комбинацияларидан 15 тасида ижобий ўта доминантлик, 3 тасида салбий ўта доминантлик, 6 тасида юқори кўрсаткичли шаклнинг тўлиқсиз доминантлиги ҳолатларида ирсийланганини кўрсатди. Шундай қилиб, турли сув режими шароитларида транспирация жадаллиги белгиси асосан, ўта доминантлик ҳолатида ирсийланди. Бироқ, оптимал сув режимида ушбу белгининг ирсийланишида асосан, салбий ўта доминантлик кузатилган бўлса, тупроқ қурғоқчилиги фонида эса, аксинча, асосан, ижобий ўта доминантлик устунлик қилди. Бу эса ўсимликларнинг сув билан таъминланганлик шароитларига боғлиқ равишда доминантлик коэффиценти (hp) нинг йўналиши ва даражаси ҳам ўзгаришини кўрсатади. Транспирация жадаллиги белгисининг кўрсаткичлари сув танқислигида ота-она шакллари гуруҳида 13,0% дан (Т-450) то 69,9% гача (Т-663), F<sub>1</sub> дурагайлари гуруҳида эса 1,2% дан (Т-450 х Т-5445) то 50,4% гача (Т-167 х Т-1) камайди. Бу стресс фонида белги кўрсаткичлари Т-663 х Т-167, Т-663 х Т-450 комбинацияларида ҳам кескин камайгани (мос равишда 48,2% ва 45,8% га) аниқланди. Сув танқислигида ушбу белги бўйича кучсиз таъсирчанлик Т-450 х Т-663 (-2,7%), Сурхон-14 х Т-450 (-4,8%), Т-663 х Т-5445 (-5,5%), Т-450 х Сурхон-14 (-5,6%), Т-450 х Т-167 (-5,8%) ва Т-450 х Т-5440 (-6,9%) комбинацияларида ҳам қайд этилди.

Шундай қилиб, ўрганилган янги ингичка толали ғўза тизмалари гуруҳида транспирация жадаллиги бўйича сув танқислигига кучли таъсирчанлик Т-663 дан ташқари, Сурхон-14 нави (-53,7%) ва Т-167 тизмасида (-40,2%), нисбатан кучсиз таъсирчанлик эса Т-450 дан ташқари, Т-2006 (-15,6%) ва Т-1 тизмаларида (-19,0%) ҳам қайд этилди.





## **СУВ БИЛАН ТУРЛИЧА ТАЪМИНЛАНГАНЛИК ШАРОИТЛАРИДА ИНГИЧКА ТОЛАЛИ ҒЎЗАНИНГ F<sub>1</sub> ДУРАГАЙЛАРИДА БАРГЛАРНИНГ СУВ УШЛАШ ХУСУСИЯТИ БЕЛГИСИНИНГ ИРСИЙЛАНИШИ**

Набиев С.М., Чоршанбиев Н.Э., Юлдашов Ў.Ҳ

ЎзР ФА Генетика ва ўсимликлар экспериментал биологияси институти  
igebr@academy.uz

Тадқиқот объекти сифатида ингичка толали ғўзанинг янги Т-1, Т-5440, Т-2006, Т-10, Т-167, Т-5445, Т-450, Т-663 тизмалари, андоза Сурхон-14 нави ва уларнинг F<sub>1</sub> дурагайларидан, дала тадқиқотларида 1-2-1 ва 1-1-0 суғориш схемаларидан фойдаланилди. Тадқиқотнинг ҳар иккала фониди ўрганилаётган материал рендомизация усули билан учта қайтариқда, ҳар бир қайтариқда икки қатордан, ҳар бир қаторда 15 тадан уяга 90x20x1 схемасида экилди. Ҳар иккала фонди ўстирилган ота-она ва дурагай генотипларининг гуллаш даврида оптимал сув режими фониди тупроқ намлиги ЧДНСга нисбатан 70-72% ни, сув танқислиги фониди эса 48-50 % ни ташкил қилганда бир вақтнинг ўзида ўсимлик сув алмашинувининг муҳим физиологик кўрсаткичи - баргларнинг сув ушлаш хусусияти аниқланди.

Баргларнинг сув ушлаш хусусияти (БСУХ) бўйича олинган рақамли кўрсаткичнинг юқори бўлиши БСУХнинг паст эканлигини ва аксинча, кўрсаткичнинг паст бўлиши БСУХнинг юқорилигини ифодалайди. Чунки, бу кўрсаткич 2 ёки 4 соатдан сўнг барглардаги бошланғич сув миқдорига нисбатан неча фоиз сув буғланишга сарфланганлигини кўрсатади.

Сув билан оптимал таъминланганлик шароитида нисбатан юқори БСУХ Т-10 тизмасида (20,5%), паст БСУХ эса Т-167 тизмасида (44,7%) қайд этилди. F<sub>1</sub> дурагайлари гуруҳида юқори БСУХ Т-10 х Т-167 (22,9%) ва Т-2006 х Сурхон-14 (24,8%) комбинацияларида, БСУХнинг нисбатан паст бўлиши эса Т-5445 х Т-450 (41,9%), Т-450 х Т-5440 (39,4%) ва Сурхон-14 х Т-450 (38,7%) комбинацияларида



қайд этилди. Доминантлик коэффициенти ( $h^2$ ) кўрсаткичлари бўйича БСУХ белгиси 24 та  $F_1$  комбинацияларидан 13 тасида ижобий ўта доминантлик, 4 тасида салбий ўта доминантлик, 1 тасида юқори кўрсаткичли шаклнинг тўлиқсиз доминантлиги, 5 тасида паст кўрсаткичли шаклнинг тўлиқсиз доминантлиги, 1 тасида эса ота ёки она тизма доминант бўлмаган оралик ҳолатларда ирсийланди. Шундай қилиб, БСУХ белгиси  $F_1$  дурагайларида асосан ўта доминантлик (13 таси ижобий, 4 таси салбий) ҳолатида ирсийланди.

Сув танқислигида ота-она шакллари гуруҳида БСУХ нинг энг юқори кўрсаткичлари Сурхон-14 нави ва Т-1 тизмасида (мос равишда 18,4% ва 20,1%), энг паст кўрсаткичлари эса Т-2006, Т-5440 ва Т-10 тизмаларида (мос равишда 26,1%, 25,3% ва 25,1%) қайд этилди. Юқори БСУХ  $F_1$  нинг Т-2006 х Сурхон-14 ва Т-167 х Т-1 комбинацияларида (17,5% дан) ҳамда Т-10 х Т-5445 ва Т-5440 х Т-450 дурагайларида (мос равишда 18,4% ва 18,7%), энг паст БСУХ эса Т-5445 х Т-663 (31,9%) ва Т-663 х Т-5445 (30,5%) комбинацияларида бўлди.

Ушбу стресс фонида БСУХ нинг ирсийланиши 24 та  $F_1$  комбинациясидан 10 тасида ижобий ўта доминантлик, 11 тасида салбий ўта доминантлик, 2 тасида ижобий тўлиқсиз доминантлик ва 1 тасида салбий тўлиқсиз доминантлик ҳолатларида ирсийланди. Шундай қилиб, БСУХ белгиси сув танқислигида асосан, салбий ва ижобий ўта доминантлик ҳолатларида ирсийланди. Стресс шароитида салбий ўта доминантлик қайд этилган  $F_1$  комбинациялари сони кескин (оптимал фондаги 4 тадан сув танқислигида 11 тагача) кўпайди. 7 та  $F_1$  комбинациясида ижобий гетерозис қайд этилиб, унинг даражаси 113,0% дан (Т-167 х Т-10) то 135,2% (Т-5445 х Т-663) гачани ташкил этди. Салбий гетерозис 4 та  $F_1$  комбинацияларида, яъни, Т-10 х Т-5445 (79,3%), Т-5445 х Т-10 (85,8%), Т-10 х Т-167 (86,4%) ва Т-5440 х Т-167 (86,9%) ларда аниқланди. Мослашувчанлик қобилияти (К мос.) кўрсаткичларига кўра, БСУХ сув танқислиги шароитида ота-



она шакллар гуруҳида 2,0% дан то 50,6% гача,  $F_1$  гуруҳида эса 4,5% дан то 45,8% гача ошди. Ота –она шакллари гуруҳида сув танқислигида БСУХ белгиси бўйича кучли таъсирчанлик Т-167 ва Сурхон-14 навида, кучсиз таъсирчанлик эса Т-1, Т-10 ва Т-5445 тизмаларида,  $F_1$  дурагайлари гуруҳида кучли таъсирчанлик Т-167 х Т-1, Т-5440 х Т-450, Т-5440 х Т-167, Сурхон-14 х Т-450 комбинацияларида, кучсиз таъсирчанлик эса Т-5445 х Т-663, Т-450 х Т-1 комбинацияларида эканлиги аниқланди.

## **ИНГИЧКА ТОЛАЛИ ҒЎЗАДА УРУҒЛАР ШАКЛЛАНИШИ ВА ЎСИМЛИКЛАР ЕТИШТИРИЛИШИДА СУВ БИЛАН ТАЪМИНЛАНГАНЛИК ШАРОИТЛАРИНИНГ $F_2$ ДУРАГАЙЛАРИДАГИ МАҲСУЛДОРЛИК БЕЛГИСИНИНГ ЎЗГАРУВЧАНЛИК КЎЛАМИГА ТАЪСИРИ**

Чоршанбиев Н.Э., Набиев С.М., Юлдашов Ў.Х.

ЎзР ФА Генетика ва ўсимликлар экспериментал биологияси институти  
igebr@academy.uz

Тадқиқотларимизда сув билан оптимал таъминланганлик ва сув танқислиги шароитларида ингичка толали ғўза  $F_1$  дурагайларининг  $F_2$  авлодида ўсимлик маҳсулдорлиги белгисининг ўзгарувчанлик кўлами ва сув танқислигида юқори маҳсулдорликка эга генотиплар ажралиб чиқиши хусусиятлари ўрганилди. Тажрибамиз қуйидаги 3 та вариантда олиб борилди:

I –вариант -  $F_1$  дурагайлари сув билан оптимал таъминланганлик шароити (оптимал фон) да етиштирилган ва уларнинг  $F_2$  авлоди шу фонга экилган;

II – вариант -  $F_1$  дурагайлари оптимал фонда етиштирилган ва уларнинг  $F_2$  авлоди сув танқислиги (моделлаштирилган қурғоқчилик) фонига экилган;

III – вариант -  $F_1$  дурагайлари сув танқислиги фонига етиштирилган ва уларнинг  $F_2$  авлоди шу фонга экилган.

I-вариантда ингичка толали ғўза дурагайларининг ота-она шаклларида



Ўсимлик маҳсулдорлиги белгисининг ўзгарувчанлик кўлами 2 дан 5 тагача синфни ўз ичига олди. Бунда, ўсимлик маҳсулдорлигининг кўрсаткичлари 41,0-60,0 г. бўлган ўсимликлар Т-167, Т-450, Т-5440 ва Т-663 тизмаларида юқори фоизда эканлиги аниқланди. Т-450 тизмасида эса ўсимлик маҳсулдорлиги 71-80 г. бўлган ўсимликлар 12% гачани ташкил этди.  $F_2$  дурагайларида ўсимлик маҳсулдорлиги белгисининг ўзгарувчанлиги 4 дан 13 тагача та синфни ўз ичига олди. Бунда, Т-5445хТ-10 ва Т-450 х Т-5445 ингичка толали дурагайларида ўсимлик маҳсулдорлиги 81-90 г. бўлган ўсимликлар 10% дан 18% гача эканлиги аниқланди. Ушбу комбинациялар ўсимлик маҳсулдорлиги белгиси бўйича селекция учун қимматли ашё бўлиши мумкин.

2-вариантда ингичка толали ота-она шаклларида ўсимлик маҳсулдорлиги белгисининг ўзгарувчанлиги 3 дан 7 тагача синфни ўз ичига олди. Т-10, Т-5440 ва Т-663 тизмаларида ўсимлик маҳсулдорлиги 81-90 г. бўлган ўсимликлар 6,67 % дан 12,50 % гача эканлиги қайд этилди.

$F_2$  дурагайларида ўсимлик маҳсулдорлиги белгисининг ўзгарувчанлиги 4 дан 11 тагача синфни ўз ичига олди. Ўсимлик маҳсулдорлиги 81-90 г. гача бўлган ўсимликлар 4,0 % дан 27,7 % гача бўлди. Т-663хТ-450 ва Т-10хТ-5445 комбинацияларида ўсимлик маҳсулдорлиги 100-110 г. бўлган ўсимликлар 9,1-16,7 % гача бўлди. Ўсимлик маҳсулдорлиги белгиси  $F_2$  дурагайларида асосан 41-60 г. кўрсаткичларда кўпроқ аниқланди. Т-5445хТ-663, Т-5445хТ-450, Т-167хТ-5440 ва Т-450хТ-1 дурагайларида эса 111-120 г. кўрсаткичлар ҳам қайд этилди. Ушбу комбинациялар ўсимлик маҳсулдорлиги белгиси бўйича қурғоқчиликка чидамлилиқ селекцияси учун катта аҳамиятга эгадир.

Ингичка толали ота-она шаклларида 3-вариантда ўсимлик маҳсулдорлиги белгисининг ўзгарувчанлиги 5 дан 10 тагача синфни ўз ичига олди. Бунда, Т-5445, Т-450 ва Т-663 тизмаларида ўсимлик маҳсулдорлиги 81-90 г. бўлган



Ўсимликлар 4,8 % дан 18,2 % гача бўлди. Т-663 тизмасида эса ўсимлик маҳсулдорлиги 91-100 г. бўлган ўсимликлар 9,1 % гачани ташкил этди. F<sub>2</sub> дурагайларида ўсимлик маҳсулдорлиги белгисининг ўзгарувчанлиги 5 дан 10 тагача синфни ўз ичига олди.

Ўсимлик маҳсулдорлиги белгиси бўйича дурагайларда асосан 41-60 г. гача кўрсаткичли ўсимликлар кўпроқ эканлиги аниқланди. Сурхон-14хТ-450 ва Т-167х Т-450 дурагайларида ўсимлик маҳсулдорлиги 91-100 г. бўлган ўсимликлар 3, 3 % дан 4,5 % гачани ташкил этди. Ушбу комбинациялар ўсимлик маҳсулдорлиги белгиси бўйича қурғоқчилик селекция учун қимматли ашё бўлиб хизмат қилиши мумкин.

Тажрибамизда Сурхон-14 нави иштирокидаги дурагайларда ўсимлик маҳсулдорлиги паст кўрсаткичда бўлганлиги қайд этилди. Т-450, Т-663 ва Т-5445 тизмалари иштирок этган дурагайларда ўсимлик маҳсулдорлиги асосан юқори кўрсаткичларда бўлиши, бу белги бўйича ўзгарувчанлик кўлами F<sub>2</sub> дурагайларининг тўғри ва тескари, яъни реципрок комбинацияларида турлича эканлиги аниқланди. Бу эса ўсимлик маҳсулдорлиги белгисининг ирсий назоратида нафақат ядровий генлар, балки цитоплазматик генлар ҳам иштирок этишини кўрсатади.

### **СУВ БИЛАН ОПТИМАЛ ТАЪМИНЛАНГАНЛИК ВА СУВ ТАНҚИСЛИГИ ШАРОИТЛАРИДА ЎРТА ТОЛАЛИ ҒЎЗА НАВЛАРИНИНГ ФИЗИОЛОГИК БЕЛГИЛАРИНИНГ ҚИЁСИЙ ТАҲЛИЛИ**

Шавқиев Ж.Ш<sup>1,2</sup>, Азимов А.А<sup>1</sup>, Макамов А. Х<sup>2</sup>, Мамарўзиев А.А<sup>2</sup>.

<sup>1</sup> ЎЗР ФА Генетика ва ўсимликлар экспериментал биологияси институти

<sup>2</sup> Геномика ва биоинформатика маркази

Жаҳонда асосий қишлоқ хўжалик экинларидан бири бўлган ғўзанинг замон талабига мос навларини яратишда анъанавий генетик-селекцион



усулларни физиологик тадқиқотлар билан уйғунлаштириш бўйича илмий изланишлар олиб борилмоқда. Бу борада асосий пахта майдонини эгаллаган ўрта толали ғўза навлари билан бир қаторда, уларга нисбатан тола технологик кўрсаткичлари ва муҳитнинг стресс омилларига чидамлиги юқори бўлган ғўза генофонди манбаларини қўллаш, сув танқислигига маданий ғўза турларининг навлари, тизмалари ва дурагайлариининг морфобиологик белгилари бўйича реакцияларини аниқлаш, чидамли генотипларни ажратиб олиш ва селекция ишларига жалб этиш бу қимматбаҳо техник экинининг қурғоқчиликка чидамли навларини яратиш муҳим аҳамиятга эга.

Дала тажрибалари ЎзР ФА Генетика ва ўсимликлар экспериментал биологияси институтининг Тошкент вилояти, Занги ота туманида жойлашган минтақавий экспериментал базасининг тажриба дала майдонида 2020-2022 йилларда олиб борилди.

Тажриба ва назорат вариантларининг чигитлари сув режими бўйича фарқланадиган 2 та фонга, яъни сув билан оптимал таъминланганлик фонига (1-2-1 суғориш схемаси, чигит суви билан ҳисобланганда сарфланган жами сув ҳажми 4800-5000 м<sup>3</sup>/га), сув танқислиги фонига (суғориш схемаси 1-1-0, чигит суви билан ҳисобланганда сарфланган жами сув ҳажми 2800-3100 м<sup>3</sup>/га) экилди. Бунда моделлаштирилган қурғоқчилик, яъни сув танқислиги фони ўсимликлар вегетациясининг ялпи гуллаш даврида суғориш сонини камайтириш ва гуллашдан кейин суғориш ўтказмаслик ҳисобига ташкил қилинди. Агротехник тадбирлар ҳар иккала фонда бир хил олиб борилди.

Тадқиқот объекти сифатида ғўзанинг *G. hirsutum* L. турига мансуб, ирсий жиҳатдан келиб чиқиши турлича бўлган Ишонч, Навбахор-2, Тошкент-6 ва С-6524 навлари фойдаланилди.



Дала шароитида сув билан оптимал таъминланганлик ва сув танқислиги фонларида ўсимликларнинг гуллаш даврида физиологик кўрсаткичлардан бўлган ўсимлик баргларидаги хлорофилл “а”, хлорофилл “б”, умумий хлорофилл, каротиноидлар миқдори, биокимёвий кўрсаткичлардан-ўсимлик баргларидаги малонилдиалдегид , ва пролин аминокислотасининг миқдори аниқланди.

Тажрибамизда ғўза навлари ўсимликларининг баргларидаги пролин аминокислотасининг миқдори ўрганилди. Сув билан оптимал таъминланганлик шароитига нисбатан сув танқислиги шароитида барча ўрганилган навларда пролин миқдори турли даражада ошди. Сув билан оптимал таъминланганлик шароитида пролиннинг миқдори С-6524 навида энг юқори (68,1 мкг/г), Навбахор-2 навида эса энг кам (39,4 мкг/г) бўлди. Сув стресси шароитида Ишонч навида пролин миқдори энг юқори (75,2 мкг/г), Тошкент-6 навида эса энг кам (69,4 мкг/г) эканлиги аниқланди (1-жадвал). Илмий манбаларда курғоқчиликка чидамли ўсимликларда пролин миқдори чидамсиз ўсимликларга нисбатан сув танқислиги шароитида ошиши қайд этилган. Бизнинг тажрибамизда ҳам бу ҳолат ўз тасдиғини топиб, сув танқислиги шароитида Ишонч ва Навбахор-2 навларининг баргларида С-6524 ва Тошкент-6 навларига нисбатан кўпроқ миқдорда пролин аминокислотаси синтезланиши аниқланди.

Олган натижаларимизнинг дисперсиявий таҳлили Ишонч, Навбахор-2, С-6524 ва Тошкент-6 навлари ўсимликлари баргларидаги хлорофилл “а”, хлорофилл “б”, умумий хлорофилл ва каротиноидлар миқдорлари бўйича ҳам турли сув режими шароитларида ишончли фарқланишларини кўрсатди. Бунда, сув билан оптимал таъминланганлик шароитида умумий хлорофиллнинг энг юқори кўрсаткичи С-6524 навида (2,3 мг/г), энг кам миқдори эса Ишонч навида



(2,0 мг/г) қайд этилди. Сув танқислиги шароитида умумий хлорофиллнинг энг паст кўрсаткичи Тошкент-6 навида (1,8 мг/г), энг юқори кўрсаткичлари эса Ишонч ва Навбаҳор-2 навларида (мос равишда 2,2 мг/г ва 2,2 мг/г) аниқланди. Ишонч ва Навбаҳор-2 ғўза навларида сув билан оптимал таъминланганлик шароитидагига нисбатан сув танқислиги шароитида умумий хлорофилл миқдори кўрсаткичлари бир-бирига яқин бўлса, С-6524 ва Тошкент-6 ғўза навларида эса камайгани аниқланди. Сув билан оптимал таъминланганлик шароитида хлорофилл “а” нинг энг юқори миқдори Навбаҳор-2 навида (1,57 мг/г), энг паст миқдори эса Ишонч навида (1,34 мг/г) қайд этилди. Сув танқислиги шароитида хлорофилл “а” миқдорининг энг паст кўрсаткичи Тошкент-6 навида (1,31 мг/г), энг юқори кўрсаткичлари эса Ишонч ва Навбаҳор-2 навларида (мос равишда 1,61 мг/г ва 1,69 мг/г) бўлди. Ишонч ва Навбаҳор-2 ғўза навларида сув билан оптимал таъминланганлик шароитига нисбатан сув танқислиги шароитида хлорофилл “а”нинг миқдори ошган бўлса, С-6524 ва Тошкент-6 ғўза навларида эса аксинча, камайди.

Тадқиқотларимизда ўрганилган ғўза навларида оптимал сув режимидагига нисбатан сув танқислиги шароитида ўсимлик баргларидаги хлорофилл “б” миқдорининг турли даражада камайиши аниқланди. Назорат фониди, яъни сув билан оптимал таъминланганлик шароитида хлорофилл “б” миқдорининг энг юқори кўрсаткичи С-6524 навида (0,74 мг/г), энг паст кўрсаткичи эса Навбаҳор-2 навида (0,54 мг/г) қайд этилди. Сув танқислигида хлорофилл “б” миқдорининг энг паст кўрсаткичи Тошкент-6 навида бўлиб, 0,47 мг/г ни, энг юқори кўрсаткичи эса Ишонч навида бўлиб, 0,60 мг/г ни ташкил этди. Сув танқислиги шароитида хлорофилл “а” ва хлорофилл “б” миқдорларининг камайиши фото-оксидланиш жараёнидаги оксидловчини эркин кислород радикали орқали ингибирланиши натижасида келиб чиққан





бўлиши мумкин. Назорат фонидагига нисбатан тажриба фонида, яъни сув танқислигида ўсимлик баргларидаги каротиноидлар миқдори турли даражада ошгани аниқланди. Оптимал сув режимида каротиноидларнинг энг юқори миқдори Навбахор-2 навида (0,34 мг/г), энг паст миқдори эса Тошкент-6 навида (0,27 мг/г) қайд этилди. Сув танқислиги шароитида каротиноидлар миқдорининг энг паст кўрсаткичи Тошкент-6 навида бўлиб, 0,31 мг/г ни, энг юқори кўрсаткичлари эса Ишонч ва Навбахор-2 навларида бўлиб, мос равишда 0,40 мг/г ва 0,41 мг/г ни ташкил этди. Сув танқислиги муҳитида баргларидаги каротиноидлар миқдори Ишонч ва Навбахор-2 навларида С-6524 ва Тошкент-6 навлариникидан кўпроқ эканлиги аниқланди. Тажрибаларида ғўза генотипларида хлорофилл ва каротиноидлар миқдори сув билан кам таъминланганлик муҳитида камайиши ҳамда қайта суғориш орқали хлорофилл ва каротиноидлар миқдори ошганлиги қайд этилган.

Тадқиқотларимиз натижаларининг дисперсиявий таҳлилига кўра, Ишонч, Навбахор-2, С-6524 ва Тошкент-6 ғўза навлари ўсимлик баргларидаги малонилдиальдегид миқдори бўйича турли сув режими шароитларида ишончли фарқландилар. Сув билан оптимал таъминланганлик шароитига нисбатан сув танқислигида тажрибамизда ўрганилган ғўза навларининг ўсимликларидаги малонилдиальдегиднинг миқдори турли даражада ошди. Назорат ва тажриба фонларида малонилдиальдегид миқдорининг энг юқори кўрсаткичлари Тошкент-6 навида (мос равишда  $202,3 \cdot 10^{-5}$  мМоль/мг ва  $359,0 \cdot 10^{-5}$  мМоль/мг), энг паст кўрсаткичлари эса Навбахор-2 навида (мос равишда  $148,8 \cdot 10^{-5}$  мМоль/мг ва  $208,7 \cdot 10^{-5}$  мМоль/мг) қайд этилди. Сув танқислиги шароитида Ишонч ва Навбахор-2 ғўза навларида малонилдиальдегиднинг миқдори С-6524 ва Тошкент-6 ғўза навлариникидан кам бўлди.



Тажрибадан шуни айтиш мумкинки, сув билан турлича таъминланганлик шароитларида ғўза навларининг физиологик–биокимёвий кўрсаткичларининг таҳлили асосида Ишонч ва Навбаҳор-2 ғўза навлари С-6524 ва Тошкент-6 ғўза навларига нисбатан сув танқислигига физиологик чидамли эканликлари аниқланди. Бу эса сув танқис минтақаларга ва сув тақчил йилларда Ишонч ва Навбаҳор-2 ғўза навларини экиш ва улардан ғўзанинг қурғоқчиликка чидамлилик селекциясида қимматли бошлангич ашё сифатида фойдаланиш мақсадга мувофиқлигини кўрсатади.

## **СУВ БИЛАН ОПТИМАЛ ТАЪМИНЛАНГАНЛИК ВА СУВ ТАНҚИСЛИГИ ШАРОИТЛАРИДА ЎРТА ТОЛАЛИ ҒЎЗА НАВЛАРИНИНГ МОРФО-ХЎЖАЛИК БЕЛГИЛАРИНИНГ ҚИЁСИЙ ТАҲЛИЛИ**

Шавқиев Ж.Ш<sup>1,2</sup>, Азимов А.А<sup>1</sup>, Мақамов А. Х<sup>2</sup>, Мамарўзиев А.А<sup>2</sup>.

<sup>1</sup>Генетика ва ўсимликлар экспериментал биологияси институти

<sup>2</sup>Геномика ва биоинформатика маркази

Дала тажрибалари ЎзР ФА Генетика ва ўсимликлар экспериментал биологияси институтининг Тошкент вилояти, Занги ота туманида жойлашган минтақавий экспериментал базасининг тажриба дала майдонида 2020-2022 йилларда олиб борилди. Тажриба ва назорат вариантларининг чигитлари сув режими бўйича фарқланадиган 2 та фонга, яъни сув билан оптимал таъминланганлик фонига (1-2-1 суғориш схемаси, чигит суви билан ҳисобланганда сарфланган жами сув ҳажми 4800-5000 м<sup>3</sup>/га), сув танқислиги фонига (суғориш схемаси 1-1-0, чигит суви билан ҳисобланганда сарфланган жами сув ҳажми 2800-3100 м<sup>3</sup>/га) экилди. Бунда моделлаштирилган қурғоқчилик, яъни сув танқислиги фони ўсимликлар вегетациясининг ялпи гуллаш даврида



суғориш сонини камайтириш ва гуллашдан кейин суғориш ўтказмаслик ҳисобига ташкил қилинди. Агротехник тадбирлар ҳар иккала фонда бир хил олиб борилди.

Тадқиқот объекти сифатида ғўзанинг *G. hirsutum* L. турига мансуб, ирсий жиҳатдан келиб чиқиши турлича бўлган Ишонч, Навбахор-2, Тошкент-6 ва С-6524 навлари фойдаланилди.

Қимматли-хўжалик белгиларидан - ўсимлик маҳсулдорлиги, битта ўсимликдаги кўсак сони, битта кўсакдаги пахта оғирлиги, битта ўсимликдаги чигит сони ва оғирлиги, тола чиқими, тола узунлиги, 1000 дона чигит оғирлиги умумий қабул қилинган усулларда аниқланди.

Тажрибамизда назорат, яъни сув билан оптимал таъминланганлик шароитида ўсимлик маҳсулдорлиги кўрсаткичлари Ишонч, Навбахор-2, С-6524 ва Тошкент-6 навларида бир-бирига яқин бўлди. Сув танқислиги шароитида эса маҳсулдорлик Ишонч ва Навбахор-2 навларида юқори бўлиб, мос равишда ўртача 50,93 г. ва 50,03 г. ни, Тошкент-6 ва С-6524 навларида эса паст бўлиб, мос равишда ўртача 34,77 г. ва 35,46 г.ни ташкил этди. Тошкент-6 ва С-6524 навларида Ишонч ва Навбахор-2 навларига нисбатан сув танқислигида ўсимликдаги пахта ҳосили кескин камайгани аниқланди.

Сув билан оптимал таъминланганлик шароитида битта кўсакдаги пахта оғирлиги Ишонч, Навбахор-2, С-6524 ва Тошкент-6 навларида бир-бирига яқин бўлди. Сув танқислигида белгининг энг паст кўрсаткичлари С-6524 ва Тошкент-6 навларида (мос равишда ўртача 4,46 г. ва 4,60 г.), энг юқори кўрсаткичи эса Навбахор-2 навида (5,53 г) бўлди. Сув танқислиги ушбу белгининг кўрсаткичларига Навбахор-2 навида нисбатан Ишонч, С-6524 ва Тошкент-6 навларида кўпроқ салбий таъсир этганлиги аниқланди.

Назорат ва тажриба фонларида битта кўсакдаги чигит сонининг энг паст кўрсаткичи С-6524 навида (мос равишда 28,21 дона ва 24,38 дона) аниқланди.



Оптималь сув режимда ушбу белгининг энг юқори кўрсаткичи Тошкент-6 навида бўлиб, ўртача 30,63 донани, сув

танқислигида эса Навбахор-2 навида қайд этилиб, ўртача 27,08 донани ташкил этди. Тупроқ қурғоқчилиги Ишонч ва Навбахор-2 навларига нисбатан С-6524 ва Тошкент-6 навларида битта кўсакдаги чигит сонининг кўпроқ камайишига олиб келди.

Сув билан оптималь таъминланганлик шароитида битта ўсимликдаги кўсак сони Ишонч, Навбахор-2, С-6524 ва Тошкент-6 навларида бир-бирига яқин бўлди. Сув танқислигида белгининг энг паст кўрсаткичлари С-6524 ва Тошкент-6 навларида (мос равишда 9,8 дона ва 8,5 дона), энг юқори кўрсаткичлари эса Ишонч ва Навбахор-2 навларида (мос равишда 12,7 дона ва 12,5 дона) қайд этилди. Сув танқислиги битта ўсимликдаги кўсак сони бўйича Ишонч ва Навбахор-2 навларига нисбатан С-6524 ва Тошкент-6 навларига кўпроқ салбий таъсир қилгани аниқланди.

Бир қатор тадқиқотчиларнинг сув танқислигида ўсимлик маҳсулдорлиги, битта кўсакдаги пахта оғирлиги, чигит сони ва ўсимлик кўсак сонининг камайиши бўйича олган маълумотлари бизнинг тажрибамизда ҳам ўз тасдиғини топди.

Тажрибадан шуни айтиш мумкинки, сув билан турлича таъминланганлик шароитларида ғўза навларининг морфо-хўжалик кўрсаткичларининг таҳлили асосида Ишонч ва Навбахор-2 ғўза навлари С-6524 ва Тошкент-6 ғўза навларига нисбатан сув танқислигига чидамли эканликлари аниқланди. Бу эса сув танқис минтақаларга ва сув тақчил йилларда Ишонч ва Навбахор-2 ғўза навларини экиш ва улардан ғўзанинг қурғоқчиликка чидамлилиқ селекциясида қимматли бошлангич ашё сифатида фойдаланиш мақсадга мувофиқлигини кўрсатади.



## **“РАВНАҚ-1” ҒЎЗА НАВИНИНГ БИРЛАМЧИ УРУҒЧИЛИГИДА ТОЛА ЧИҚИМИ ВА УЗУНЛИГИ КЎРСАТКИЧЛАРИНИ ЯХШИЛАШ**

Муҳаммадов Й.А., Маманазаров Ш.И., Хўжамбердиева Ш.М., Мирзоёқубов  
К.Э., Ачилов С.Г.

Геномика ва биоинформатика маркази  
yuldoshbekmukhammadov@mail.ru

Мамлакатимизда пахтачилик соҳасида олиб борилаётган ислохотларнинг асосий вазифаларидан бири, бу пахта етиштириладиган майдонларни кўпайтирмасдан туриб, пахта хомашёсининг сифатини, ҳосилдорлигини ошириш, юқори сифатли уруғлик ишлаб чиқариш ҳажмини кўпайтириш, тола сифати ва чиқимини ошириш ҳамда ер ва сув ресурсларидан оқилона фойдаланиш муҳим касб этмоқда.

Маълумки, ғўза асосан толаси учун етиштирилади, ҳамда яратилаётган ғўза навларининг юқори тола сифатига эга бўлиши долзарб ҳисобланади. Шунинг учун, аксарият олимларнинг илмий тадқиқотларида тола сифатини белгиловчи асосий технологик кўрсаткичларни ўрганишга алоҳида эътибор қаратилмоқда.

Ҳ.Марданов “Жарқўрғон” ғўза навининг тола чиқими ҳамда тола узунлиги кўрсаткичларини яхшилаш бўйича олиб борган тадқиқот натижаларига кўра тола чиқими ва узунлик белгилари бўйича экиш учун танлаб олинган оилаларнинг кўрсаткичлари навга хос, яъни тола узунлиги бўйича IV тип талабларига жавоб бериши ва юқори тола чиқими (ўртача 38,8 %) тенг бўлганлиги аниқланган.

Б.Мамарахимов ва бошқалар маълумотларига кўра нав ва оилага мансуб бўлган ўсимликлар қуйида келтирилган морфологик белгилар бўйича асосий поя ва баргининг тукланганлиги, баргининг шакли, ранги ва катталиги, тупининг шакли ва шохланиш тури, кўсакларининг шакли ҳамда катталиги билан белгиланади.



Ўрта толали ғўзанинг III типга мансуб “Равнақ-1” нави маркерларга асосланган селекция технологияси асосида Андижон-35 нави билан L-141 линиясини беккросс чатиштириш ва кўп марталик танлаш йўли билан яратилган. Мазкур нав аксарият хўжалик белгилари бўйича бошқа навлардан бирмунча афзалликга эга. Яъни, “Равнақ-1” навининг тола узунлиги 37-38 мм, микронейри-4,4; солиштира оғирлик кучи 37 г.к./текс, тола чиқими 36-37 %, 1 дона кўсагдаги пахта оғирлиги 7,0-7,5 г., 1000 дона чигит оғирлиги 135 г. вегетация даври 115-120 кунни ташкил этади.

Изланишлар Геномика ва биоинформатика марказининг махсус уруғчилик хўжалигида олиб борилди. Мазкур тадқиқотда “Равнақ-1” нави биринчи йил уруғ кўпайтириш кўчатзоридан териб олинган якка танлов ҳамда синов наъмуналарининг тола чиқими ва тола узунлиги кўрсаткичлари таҳлил натижалари келтирилган. 1-жадвал

1-жадвал

### Лаборатория таҳлил натижалари

	Синов наъмуналари						Якка танлов наъмуналари			
	Оилалар сони		Тола узунлиги мм		Тола чиқими, %		Сони		Тола узунлиги мм	
	2021	2022	2021	2022	2021	2022	2021	2022	2021	2022
Барча таҳлил қилинганлар	152	163	36,2	36,7	36,5	37,6	936	910	36	36,4
Яроқсиз қилинганлар	100	112	35,8	36,5	36,4	37,6	631	613	35,6	35,9
Экишга танлаб олинганлар	52	51	36,8	37,2	36,8	37,5	305	297	36,9	37,5

2021 йили биринчи йил уруғ кўпайтириш кўчатзоридан соғлом оилаларидан 152 та синов намунаси ҳамда 936 та якка танлов намуналари териб



олиниб лабораторияда таҳлил қилинди. Таҳлил натижаларига кўра (барча таҳлил қилинганлар) синов намуналарининг ўртача тола узунлиги 36,2 мм, тола чиқими 36,5 % ни, якка танлов намуналарининг тола узунлиги 36 мм ни ташкил этди. Олинган маълумотлар таҳлил қилиниб оилалар соғлом ва ярқсизга ажратилди. Кейинги йилда экиш учун 152 та синов намунасида 100 таси чиқитга 52 таси соғлом экиш учун ажратиб олинди. Чиқитга чиқарилган 100 та оиланинг ўртача тола узунлиги 35,8 мм, тола чиқими 36,4 % ни, экишга танлаб олинган 52 та оиланинг ўртача тола узунлиги 36,8 мм ни, тола чиқими 36,8 % ни ҳамда экишга танлаб олинган 305 та якка танлов намунасининг ўртача тола узунлиги 36,9 мм ни ташкил қилди. Танлаб олинган соғлом оилалар 2022 йилда экилди. Вегетация давомида дала кўриглари олиб борилиб оилалар соғлом ва ярқсизга ажратилди. Соғлом оилалардан териб олинган 163 та синов намуналари ва 910 та якка танлов намуналари терилди ҳамда лабораторияда таҳлил қилиниб соғлом ва чиқитга ажратилди. Таҳлил натижаларига кўра барча таҳлил қилинган синов намуналарининг ўртача тола узунлиги 36,7 мм ни, тола чиқими 37,6 % ни, якка танлов намуналарининг тола узунлиги 36,4 мм ни, экишга танлаб олинган 51 та соғлом оилаларнинг ўртача тола узунлиги 37,2 мм ни, тола чиқими 37,5 % ни, 297 та якка танлов намуналарининг 37,5 мм ни ташкил қилди.

Тажриба натижаларига кўра тола узунлиги ва тола чиқими белгилари бўйича экиш учун танлаб олинган оилаларнинг кўрсаткичлари навга хос, яъни тола узунлиги бўйича III-тип талабларига жавоб бериши ҳамда юқори тола чиқимига эга эканлигини таъкидлаш мумкин.



## ГЕНЛАРНИ ПИРАМИДАЛАШ ТЕХНОЛОГИЯСИ АСОСИДА ОЛИНГАН АЎЗА ТИЗМАЛАРИНИ ТОЛА СИФАТИ ТАҲЛИЛИ

Омонкулов У.М., Норбеков Ж.К., Бойқобилов У.А., Мухаммадалиев Р.И.,  
Эшнажаров Ж.Ж., Хошимов С.Қ., Макамов А.Х.

Геномика ва биоинформатика маркази  
[kattabek11@gmail.com](mailto:kattabek11@gmail.com)

Пахтанинг табиий толаси саноатда ишлатиладиган хом ашёнинг учдан бир қисмини ташкил қилади. Жахон бозорида пахта толаси сифатига қараб бахоланади ва тан нархи белгиланади. Хозирги кунда пахта толаси кимёвий йўл билан ишлаб чиқариладиган (синтетик) тола таъсирида жиддий муаммоларга дуч келмоқда. Бугунги кунда синтетик толалар тўқимачилик саноатининг 75 фоиздан ортиғини эгаллайди. Шу мақсадда пахтанинг табиий тола сифатини яхшилаш, тўқимачилик саноатидаги ўрнини ошириш муҳим ҳисобланади. Тўқимачилик саноатида асосан пахта толасининг узунлиги, майинлиги ва пишиқлиги каби сифат белгиларига алоҳида эътибор қаратилиб келинган. Кўплаб тадқиқотларда пахта толасининг ушбу хусусиятларнинг ўзаро бир-бирига боғлиқлиги, тола сифатининг бир компонентининг ўзгариши, толанинг бошқа сифат кўрсаткичига таъсир қилиши мумкинлиги аниқланган. Шу сабабдан тола сифати яхшиланган ўза навларини ишлаб чиқиш бугунги куннинг асосий вазифаларидан биридир.

Геномика ва биоинформатика марказида маркерларга асосланган селекция дастури асосида тола сифати ва шўрланишга чидамли бўлган бир нечта QTL локусларини генларни пирамидалаш усули билан бир генотипга жамланган BC<sub>3</sub>F<sub>4</sub> [(F<sub>1</sub>Анбоёвут-2 х Л-141) х (F<sub>1</sub>Анбоёвут-2 х С419) х (BC<sub>1</sub>F<sub>1</sub>Анбоёвут-2 х Saenr-Pena) х Анбоёвут-2] ва BC<sub>3</sub>F<sub>4</sub> [(F<sub>1</sub>Андижон-35 х Л-141) х (F<sub>1</sub>Андижон-35 х Saenr-Pena) х Андижон-35] авлод дургайлари тадқиқот намуналарини лаборатория шароитида пахта толасининг штапел узунлиги ҳамма “USTER HVI





1000” толани таснифлаш ва таҳлил қилиш ускунасида тола сифат кўрсаткичлари таҳлил қилинди.

Генларни пирамидалаш технологияси асосида олинган  $BC_3F_4$  [( $F_1$  Андижон-35 × Л-141) × ( $F_1$  Андижон-35 × Saenr-Pena) × Андижон-35] дурагай комбинацияларининг 35 та оиласига тегишли бўлган 257 та якка танлов намуналарининг тола сифат белгилари статистик таҳлил қилинганда, тола штапел узунлиги бўйича энг паст қиймати 35 мм.ни, юқори қиймати 42 мм.ни ва ўртачаси 38 мм.ни, реципиент Андижон-35 ғўза навида паст қиймати 30 мм.ни, юқори қиймати 34 мм.ни, ўртача қиймати эса 31,8 мм.ни ҳамда донор Л-141 тизмасида ўртача 38 мм. ни ташкил этди.  $BC_3F_4$  дурагай тизмаларида бўйича донор Т-141 тизмасига тенглашган ва назорат Ан-Боёвут-2, Наманган-77 ғўза навларига нисбаттан мазкур белги бўйича юқори кўрсаткичга эга эканлиги ташкил этди. 1000 дона чигит вазни ҳам  $BC_3F_4$  дурагай тизмаларида реципиент Андижон-35, андоза сифатида олинган Ан-Боёвут-2 ва Наманган-77 ғўза навларига нисбаттан 15-20 % га ошганилиги ҳамда донор тизмаларга қисман тенглашганиги аниқланди.

Тадқиқотда Т-141 тизмасида тола шпател узунлиги, Андижон-35 навида 1000 дона чигит вазни, Saenr Pena-85 тизмаси ва Андижон-35 нави тола чиқими, Т-141 тизмасида энг узун тола ва тола солиштирма узилиш кучи кўрсаткичлари бошқа нав ва тизмаларга нисбатан юқори бўлган бўлса, толанинг микронеёри белгиси бўйича эса Т-141 тизмасида паст кўрсаткичларда эканлиги аниқланди. Тажрибада  $BC_3F_4$  дурагай тизмалари орасида толасининг сифат кўрсаткичлари энг яхшиланган генотиплар ажратиб олинди.



### III. BIOTEKNOLOGIYA

#### ИНДУКЦИЯ КАЛЛУСООБРАЗОВАНИЯ В КУЛЬТУРЕ НЕОПЫЛЁННЫХ СЕМЯПОЧЕК ТОМАТА КУЛЬТУРНОГО (*SOLANUM LYCOPERSICUM L.*)

Тукусер Я.П.<sup>1</sup>, Романова О.В.<sup>1</sup>, Сухов А.Я.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный научный центр овощеводства»,

<sup>2</sup>Федеральное государственное автономное образовательное учреждение высшего образования «Российский университет дружбы народов» Аграрно-технологический институт, yana-tukuser@mail.ru

Томат - важнейшая сельскохозяйственная культура с годовым производством продукции 180 млн т в мире и с количеством занимаемых площадей 5 млн га (FAOSTAT, 2022). Для производства гибридов F<sub>1</sub> требуется несколько поколений инбридинга. Ускоренное получение выровненных родительских линий возможно с помощью ДН-технологий (double haploid – удвоенные гаплоиды). Гаплоидные растения получают из женского (культура неопылённых семяпочек) или мужского (культура пыльников и микроспор) гаметофита. После удвоения хромосомного набора полученные растения становятся полностью гомозиготными.

Впервые гаплоидные растения в культуре *in vitro* из неопылённых семяпочек были получены при партеногенетическом развитии яйцеклетки (Morrison, 1932; Cook, 1936), проведено цитологическое исследование гаплоидных, диплоидных, тетраплоидных форм томата (Lindstrom et al., 1931). Для индукции гиногенеза также использовали опыление чужеродной пыльцой *Solanum sisymbriifolium* Lam. (Chambonnet, 1996; Val, Abak, 2007). Методы индукции гиногенеза томата культурного ещё недостаточно разработаны, поэтому настоящее исследование



направлено на разработку элементов методики получения гаплоидных растений томата культурного в культуре *in vitro* из неопылённых семяпочек.

Исследования проводили на сорте томата культурного Розовый бутон (*Solanum lycopersicum* L.) из коллекции лаборатории селекции и семеноводства пасленовых культур ФГБНУ ФНЦО. Для введения в культуру *in vitro* в качестве эксплантов использовали закрытые бутоны. Бутоны промывали водопроводной водой с моющим средством «AOS» (5 мин.). Поверхностную стерилизацию проводили в 96 % этаноле (30 с), затем в 50 % водном растворе препарата «Белизна» с добавлением 2-3 капель Твина-20 (15 мин), с последующим трехкратным промыванием в стерильной дистиллированной воде (10 мин.). У бутонов стерильным пинцетом удаляли чашелистики и переносили для доращивания на агаризованную (7 г) питательную среду MS (Murashige et al., 1962) с концентрацией сахарозы 2 % и добавлением зеатина (2 мг/л) и индолилуксусной кислоты (0,1 мг/л).

Культивирование проводили на стеллажах со смешанным освещением люминесцентными лампами двух типов: OSRAM Fluora L36W/77 (с преобладанием синего и красного спектра) и Philips 36W/54-765 (с преобладанием белого спектра), при общей освещенности 3000 люкс, фотопериоде 16 / 8 часов (день / ночь) при 25°C круглосуточно.

Через 21 сутки после увеличения семязачатка завязи разрезали скальпелем и выделяли семяпочки с помощью препаровальных игл под стереомикроскопом Stemі 305 при 10× увеличении в ламинарном боксе. Изолированные семяпочки без признаков повреждения помещали на питательную среду в стерильные стеклянные баночки (100 мл).

Через 7 суток после извлечения семяпочек увеличились в размерах, и более 70 % семяпочек имели тёмную окраску шаровидной формы, а ещё через 7 суток



начался процесс каллусообразования на всех изолированных семяпочках. На 21 сутки после извлечения семяпочек каллус увеличился в размерах до 2-3 мм в диаметре и был перенесен на свежую питательную среду для побегообразования.

В дальнейшем будут подобраны оптимальные питательные среды для побегообразования и корнеобразования каллусных структур томата культурного в условиях *in vitro*.

## **MIROORGANIZMLARNING $\text{Cu}^{2+}$ va $\text{Pb}^{2+}$ IONLARINING TURLI KONSENTRATSIYALARIGA REZISTENTLIGI**

Sa'dullayeva M.S., To`raqulova D.E., Qahramonova Z.A., Kadirova G.X.

O`z RFA Mikrobiologiya instituti,  
info-microbio@academy.uz

Ma'lumki, tuproqning og'ir metallar (OM) bilan ifloslanishi ekologiyaning dolzarb muammolaridan biridir. Atrof-muhitdagi OM inson va tabiat uchun zaharli bo'lib, ular bilan zaharlanish, oziq-ovqat zanjiri bo'ylab tashilishi va organizmda to'planishi sog'liq uchun katta muammolarni keltirib chiqarishi mumkin [1,2]. Ma'lumki, mikroorganizmlar yordamida OM zararsizlantirishga qaratilgan biologik usullar kimyoviy va instrumental usullarga nisbatan tejamkor va ekologik toza hisoblanadi.

Ushbu tadqiqotning maqsadi mikroorganizmlarning  $\text{Cu}^{2+}$  va  $\text{Pb}^{2+}$  ionlarini turli konsentratsiyalariga rezistentligi bo'yicha skriningini amalga oshirishdan iborat.

Dastlab Toshkent viloyatida joylashgan faoliyati to'xtatilgan aerodrom, shuningdek Qashqadaryo va Samarqand viloyatlaridagi kimyo zavodlari atrofidagi tuproq namunalaridan 50 dan ortiq mikroorganizmlarning izolyatlari sof kulturalarga ajratildi. Mikroorganizmlar Cu va Pb kationlarining turli miqdorlari qo'shilgan standart suyuq go'sht-peptonli va peptonli bulyon (tarkibi, g/l: L-glyukoza – 5,0;  $\text{K}_2\text{HPO}_4$  – 0,5;  $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$  – 0,5; NaCl – 0,5; pepton – 7) ozuqa muhitlarida



o`stirildi. Ozuqa tarkibiga  $\text{Cu}^{2+}$  ionlarining 59 mg/l, 118 mg/l va 354 mg/l hamda  $\text{Pb}^{2+}$  ionlarining 48,0 mg/l, 95,9 mg/l va 287,7 mg/l konsentratsiyada qo`shib o`stirildi. Keltirilgan OM larning ushbu konsentratsiyalari ularning ruhsat etilgan me`yorida (REM) mos ravishda 5, 10 va 30 barobar ko`pdir. OM tuzlari sifatida  $\text{CuSO}_4 \times 5\text{H}_2\text{O}$  va  $\text{Pb}(\text{NO}_3)_2$  dan foydalanildi. Ekish materialidagi bakteriyalarning titri  $10^7$  hujayra/ml ni tashkil etdi. Kulturalar  $28-30 \pm 0,2$  °C haroratda 3 sutka davomida o`stirildi. Morfologik xususiyatlarga ko`ra bakteriyalar yosh (24-soatli) va 2-3-sutkali kulturalarda o`rganildi.

O`tkazilgan tajribalarga ko`ra, bakteriyalar shtammlari  $\text{Cu}^{2+}$  va  $\text{Pb}^{2+}$  ionlarining 118 mg/l va 95,9 mg/l konsentratsiyasida 14 sutka davomida o`stirilganda 48 ta izolyatlar orasida №14 va №21 izolyatlar o`rtacha rezistent ekanligi aniqlandi. Ta`kidlash lozimki, mikroorganizmlar  $\text{Cu}^{2+}$  va  $\text{Pb}^{2+}$  ionlarining 354 mg/l va 287,7 mg/l konsentratsiyasida 14 sutka davomida o`stirilganda quyidagi izolyatlarning: №5, №10, №2k yuqori rezistent ekanligi ko`rsatildi. Morfologik va kultural xususiyatlariga ko`ra tadqiq etilayotgan OM kationlariga rezistent kulturalarning: №5, №14, №21, №2k koloniya shakli yumaloq, faqat №10 izolyat noaniq shaklli koloniya hosil qilishi kuzatildi. №5, №10, №21 izolyatlarning rangi qaymoqrang va №14, №2k izolyatlar oq rangga egaligi aniqlandi. №5, №10, №2k izolyatlar koloniyalarining chetlari tekis, №14, №21- notekis va to`lqinsimon. Barcha izolyatlar koloniyalarining yuzasi silliq. №5, №14, №2k kulturalar gramm manfiy, №10, №21 kulturalar esa gramm musbat va barcha kulturalarning harakatchanligi aniqlandi.

Keyingi tadqiqotlarda OM kationlariga o`rta va yuqori rezistent bakteriyalarning biokimyoviy xususiyatlari o`rganildi. Tadqiqot natijalariga ko`ra №5, №14, №21, №2k izolyatlar kraxmalni gidrolizladi; №14, №21, №2k izolyatlari kazeinni girolizlashi hamda №10, №14, №21 izolyatlari esa jelatinni gidrolizlashi bo`yicha ijobiy natija olindi; №5, №10, №2k izolyatlari glyukozali muhitda kislota hosil qilishi kuzatildi.



Saxaroza va Mannozali muhitda faqat №5 izolyat hamda laktozali muhitda esa №10 izolyat kislota hosil qilishi qayd etildi. Tekshirilgan barcha izolyatlarda katalaza fermenti sintezlanishi hamda oksidaza fermenti esa faqatgina №2k izolyatda sintezlanishi aniqlandi. OM kationlariga yuqori rezistent kulturalar morfologik-biokimyoviy xossalari va Maldit-Tof tahlili asosida identifikatsiya qilindi. Tadqiqot natijalariga ko`ra №5 - *Enterobacter cloacae*, №10 - *Bacillus licheniformis*, №14 - *Bacillus atrophaeus*, №21 - *Bacillus atrophaeus* va №2k - *Acinetobacter pittii* turlariga mansubligi aniqlandi. Kelajakda ushbu eng rezistent kulturalar og`ir metal ionlari bilan ifloslangan tuproqlarni bioremidatsiya qilishga mo`ljallangan biopreparatlar yaratish uchun asos bo`ladi.

## **ISSIQLIK DENATURATSIYA HAMDA KATION ALMASHINUV XROMATOGRAFIYA USULLARI YORDAMIDA TUXUM OQIDAN LIZOTSIM OQSILINI TOZALAB OLISH**

Umarova Sh.M.<sup>1,2</sup>, Ermatova H.Y.<sup>1,3</sup>, Muminov M.I.<sup>1</sup>, Abdurahimov A.A.<sup>1,3,4</sup>.

<sup>1</sup>Oliy ta'lim, Fan va Innovatsiyalar vazirligi huzuridagi Ilg'or texnologiyalar markazi

<sup>2</sup>Mirzo Ulug'bek nomidagi O'zbekiston Milliy Universiteti,

<sup>3</sup>O'zMU huzuridagi Biofizika va Biokimyoy institut

<sup>4</sup>Islom Karimov nomidagi Toshkent Davlat Texnika Universiteti,

shakhnozumarova@gmail.com

Tovuq tuxumi oqi lizotsimga boy bo'lgan mahsulotlardan biri bo'lib, bir qancha sohalarda, jumladan, oziq-ovqat va tibbiyotda keng qo'llaniladi. Tuxum oqi lizotsimi mevalarni saqlashda, go'sht, kolbasa mahsulotlari, ba'zi bir pishloq mahsulotlarini oziq-ovqat patogenlaridan himoyalovchi vosita sifatida ishlatiladi. Chaqaloqlar ozuqasi tarkibiga qo'shilib, ozuqa mahsulotining immun faolligi oshiriladi. Saqichlar tarkibiga esa tishlar chirishini oldini oluvchi vosita sifatida ishlatiladi. Periodontit kasalligini davolashda, antibiotiklarning faolligini oshiruvchi vosita sifatida tabletkalar tarkibiga qo'shilib kelinmoqda. Laboratoriyalarda esa *E.coli* hujayrasining periplazmasini eritish



uchun keng qo'llaniladi. Lizotsim oqsili antibakterial, antiviral va antifungal xususiyatlarga ega bo'lganligi sababli tibbiyot asboblarini mikroblarga qarshi qoplama sifatida ishlatilishi mumkinligini ayrim adabiyotlarda keltirib o'tilgan.

Yuqoridagilarni hisobga olib, tovuq tuxumi oqidan lizotsim oqsilini tozalash protokolini takomillashtirish bo'yicha tadqiqot olib borildi.

Dastlab tuxum oqi ajratib olinib, filtrdan o'tkazildi. 60 mL tuxum oqi 50 mM natriy atsetat pH=5.0 buferi bilan 240 mL bo'lguncha suyultirildi. So'ngra namuna 15 000 x.g tezlikda 4°C da 10 daqiqa sentrifuga qilindi va olingan supernatant 60°C haroratda suv hammomida 30 daqiqa davomida inkubatsiyalandi. So'ngra namuna 20 000 xg tezlikda 4°C da 20 daqiqa davomida sentrifuga qilindi. Olingan supernatant filtr qog'ozidan o'tkazildi.

Oqsillarni tozalab olish maqsadida kation almashinuv xromatografiya usulidan foydalanildi. Kation almashinuv xromatografiyasini amalga oshirish uchun Hiprep SP –Sepharoza 16/10 kolonkasi 5 hajmli bufer A bilan ishlov berildi (Buferning tarkibi 50 mM natriy atsetat pH=5) va namuna Hiprep SP –Sepharoza 16/10 kolonkadan o'tkizildi. Undan tashqari 1M NaCl va 50mM natriy atsetat aralashmasidan iborat B buferi tayyorlandi (pH =5). Shundan so'ng, Sepharoza 16/10 kolonkasi 95:5 nisbatda A va B buferlari aralashmasi yordamida bog'lanmay qolgan oqsillarni tushirib yuborish maqsadida yuvildi. Kolonkaga bog'langan lizotsim oqsili B bufer yordamida elyutsiya qilindi. Olingan namunalarda lizotsim mavjudligini aniqlash uchun agar ozuqa muhitida o'stirilgan indikator *Bacillus subtilis* shtammi koloniyasiga har bir namunadan 10 mkl dan tasir ettirildi. Antimikrob zonaning hosil bo'lishi bilan lizotsimning mavjudligi baholandi. Ajratib olingan oqsil namunalari 15 %li poliakrilamid gel elektroforezida yurgizildi va Coomassie R250 bo'yog'i yordamida bo'yaldi.



Nazorat sifatida toza holatdagi Lysozyme oqsili foydalanildi (1 mg/ml, Sangon Biotech, Xitoy). Namunalarning antimikrob faolligi tekshirilganda dastlabki namunada, 30 daqiqa inkubatsiya namunasida, elutsiya namunasida hamda pozitiv nazoratda bakteriosid zona hosil qildi. Dastlabki va elyutsiya namunalarining hosil qilgan zonasi pozitiv lizotsim zonasi bilan bir xil. Bulardan farqli ravishda manfiy nazorat, bog'lanmagan namuna va 50 mM NaCl bilan yuvilgan namunalarda antimikrob faollik namoyon bo'lmadi. Ushbu natija haqiqatdan ham elutsiya namunasi tarkibida lizotsim oqsili mavjudligini ko'rsatadi. Shuningdek, poliakrilamid gelida tarkibida lizotsim oqsili mavjud bo'lgan elyutsiya namunasida va nazorat sifatida olingan toza holdagi lizotsim oqsillarining molekulyar massalari 15 kDa ga yaqin deyarli bir xil molekulyar massaga ega ekanligi aniqlandi. Bu esa ajratib olingan elyutsiya tarkibida katta extimollik bilan maqsadli oqsil – lizotsim mavjudligini ko'rsatadi. Shuningdek, elutsiya namunasida 40 va 85 kDa oqsil markerlari oralig'ida bir nechta oqsillar mavjud. Adabiyotlarda bu oqsillar ovoalbumin va ovotransferin ekanligi hamda bu oqsillar antimikrob zona hosil qilmasligi adabiyotda keltirilgan. Keyingi tadqiqotlarda elyutsion namuna tarkibidagi bu oqsillardan xalos bo'lish maqsadida xromatografiya jarayonini optimallashtirish rejalashtirildi.

## **OG`IR METALLARGA CHIDAMLI BAKTERIYALAR TOMONIDAN NIKEL VA KADMIY METALLARINING BIOSORBSIYASI**

Usmonqulova A.A

O`zRFA Mikrobiologiya instituti,  
info-microbio@academy.uz

Atrof-muhitni ifloslantiruvchi moddalar orasida nikel (Ni) va kadmiy (Cd) ning ajralishi antropogen faoliyatlar xususan qazilma yoqilg'ilarni yoqish, energiya ishlab chiqarish, tog'-kon, eritish, transport vositalari, maishiy, kommunal va sanoatni utilizatsiya qilish, po'lat ishlab chiqarish va sement sanoati chiqindilarini chiqarish kabi





turli manbalar natijasida yanada tezlashdi. Hozirgi vaqtda oqava suvlardan Ni va Cd ni kamaytirish usullariga kimyoviy cho`ktirish, ion almashinuvi, elektrolitik, elektrokimyoviy tozalash, filtrlash, faollashtirilgan uglerod adsorbsiyasi, erituvchi ekstraksiyasi, membrana ajratish texnologiyasi, biosorbsiya va boshqalar kiradi. Lekin bu usullarning aksariyati narxining qimmatligi, ko`p miqdorda reagent talab etilishi, cheklangan samaradorlik, zaharli ikkilamchi chiqindilarni hosil qilishi kabi muhim kamchiliklarga ega. Ushbu usullar orasida mikroob biosorbsiyasi pH qiymati va harorati diapazoni keng ekanligi, kuchli adsorbsiya qobiliyati va metallni mikrobdan oson ajratilishi, iqtisodiy jihatdan arzon ekanligi, ekologik xavsizligi kabi ko`p afzalliklarga ega.

Yuqoridagi ma`lumotlardan kelib chiqqan holda ushbu tadqiqot davomida og`ir metallar bilan ifloslangan tuproqlardan ajratilgan Cd(II) va Ni(II) ga chidamli *Enterobacter ludwigii*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Bacillus licheniformis* shtammlarining biosorbsiya jarayoniga pH qiymati va temperaturaning ta'siri, biosorbent miqdori va ta`sir etish vaqti tizimli ravishda o'rganildi. Dastlabki pH qiymatlari 1,0-8,0, harorat 10-40 ° C, aloqa vaqti 6,12,24,48,72 soat va hujayra biomassasi 0,5-3,0 g/L miqdorda foydalanildi. Foydalaniladigan eritmalarning dastlabki pH qiymati 0,1M HNO<sub>3</sub> va NaOH bilan o'rnatildi. Turli xil hujayra biomassalari bakterial ozuqaning turli hajmlaridan hujayra ho`l biomassalarini yig'ish orqali qo'llanildi.

Bakteriyalarning og'ir metallarni adsorbsion qobiliyatida pH muhim rol o'ynashi kuzatildi. *Enterobacter ludwigii* shtammida Ni<sup>2+</sup> va Cd<sup>2+</sup> ning biosorbsiyasi pH 1,0 da 147 mg Ni<sup>2+</sup> va 17.6 mg Cd<sup>2+</sup> dan pH 7,0 da 163 mg Ni<sup>2+</sup> va 20.6 mg Cd<sup>2+</sup> gacha barqaror ravishda oshib bordi. Shunga mos ravishda, biosorbsion foiz ham Ni<sup>2+</sup> va Cd<sup>2+</sup> uchun mos ravishda 73,5% va 71,5% dan 81,5% va 83.7% gacha ko'tarildi. pH 7.0 va 8.0 da deyarli teng adsorbsion imkoniyatlarga erishildi.



Bakteriyalar tomonidan garchi  $\text{Ni}^{2+}$  va  $\text{Cd}^{2+}$  adsorbsiyasi uchun 10 dan 20 °C gacha bo'lgan oraliqda sezilarli farq bo'lmasa ham  $\text{Ni}^{2+}$  va  $\text{Cd}^{2+}$  ning biosorbsion sig'implari harorat oshishi bilan ortib bordi. Xususan, yuqori biosorbsion qobiliyatni namoyon etgan *Pseudomonas aeruginosa* shtammida  $\text{Ni}^{2+}$  va  $\text{Cd}^{2+}$  ning biosorbsiyasi 10°C da 139 mg  $\text{Ni}^{2+}$  va 16,4 mg  $\text{Cd}^{2+}$  dan 40°C da 167 mg  $\text{Ni}^{2+}$  va 20.6 mg  $\text{Cd}^{2+}$  gacha barqaror ravishda oshib bordi. Ushbu bakteriyaning biosorbsion foizi ham 10°C va 40°C oralig'ida  $\text{Ni}^{2+}$  va  $\text{Cd}^{2+}$  uchun mos ravishda 69.5% va 66.7% dan 83,5% va 83.7% gacha ortishi kuzatildi.

Biosorbent dozasi biosorbsiyaning hal qiluvchi parametridir. Kutilganidek,  $\text{Ni}^{2+}/\text{Cd}^{2+}$  olib tashlash samaradorligi bakterial biomassa qo'shilishi bilan ortdi (3-jadval), chunki biosorbent miqdori qancha ko'p bo'lsa,  $\text{Ni}^{2+}/\text{Cd}^{2+}$  bilan o'zaro ta'sir qilish uchun ko'proq bog'lanish joylari mavjud bo'ladi. Xususan,  $\text{Ni}^{2+}$  ning eritmadagi kamayish foizi *Pseudomonas aeruginosa* biosorbent sifatida 0,5 g/l va 3.0 gr/l qo'llanilganda 64% dan 83,5% gacha,  $\text{Cd}^{2+}$  ning kamayish foizi esa 51,2% dan 84 % gacha oshishi kuzatildi.

Biosorbsiya jarayoni ko'p jihatdan eksperimental parametrlarga bog'liq bo'lib, pH 6,0 va 40 °C da optimal biosorbsiya kuzatildi. Sorbsiya sig'imi dastlabki metall konsentratsiyasi ortishi bilan kamayadi va adsorbent biomassasining ortishi bilan ortadi. Ushbu mahalliy bakterial shtammlar kelajakda atrof-muhitni ifloslantirmasdan  $\text{Ni}^{2+}$  va  $\text{Cd}^{2+}$  bilan ifloslangan suvlarni tozalash uchun arzon, ekologik toza va samarali biosorbent sifatida ishlatilishi mumkin.



## MAHALLIY SIANOBAKTERIYALARNING TURLI OZUQA MUHITLARIDA BIOMASSA HOSIL QILISHINI ANIQLASH VA OPTIMALLASHTIRISH

Usmonqulova A.A., Aliyev Z.Z., Safarov H.Sh., Boboqulov M.Sh

O`zRFA Mikrobiologiya instituti,  
info-microbio@academy.uz

Sianobakteriyalarning xususiyatlari va imkoniyatlarini qisqacha ko'rib chiqish ularning biotexnologiyaning universal va istiqbolli obyektlar ekanligini ko'rsatadi.

Sianobakteriyalar asosida yaratilgan dorilar murakkab ta'sirga ega va ishlab chiqarish xarajatlari ancha past. Biologik azotni fiksatsiya qilish o'g'itlarni kimyoviy sintez qilishda sarflanadigan energiyani tejashga imkon beradi va sianobakteriyaga asoslangan biologik o'g'itlar nafaqat hosilni ko'paytiradi, balki fitopatogenlarni yo`qotish va ifloslantiruvchi moddalarni zararsizlantirish tuproqni agregat holatini yaxshilaydi.

Ushbu tadqiqot davomida O`zRFA Mikrobiologiya Institutining laboratoriyasi kolleksiyasida saqlanayotgan Qashqadaryo, Namangan va Sirdaryo viloyatlarining sho'rlangan va pestitsid bilan ifloslangan bo`z tuproqlaridan ajratilgan *Nostoc*, *Anabaena* turkumidagi mahalliy sianobakteriyalarning turli mineral ozuqa muhitlarida biomassa hosil qilishi o`rganildi va optimallashtirildi.

Biomassa miqdorini aniqlash uchun 100 ml turli mineral ozuqa muhitlarida (BG-11<sub>0</sub>, Bold, M9) o`sayotgan sianobakteriya shtammlarini 3,7,10 kunlik vaqtda olib, sentrifuga yordamida ularning biomassasi cho`ktirib olindi.. Keyin elektron tarozida cho`kmaga tushgan sianobakteriyalarning ho`l biomassasi o`lchandi. Quruq biomassasini aniqlash uchun ajratib olingan sianobakteriyalar cho`kmasi quritish shkafida 70 °C da 40 min davomida quritildi va elektron tarozida hosil bo`lgan quruq biomassa o`lchandi. BG-11<sub>0</sub> oziqa muhiti: (mas.%) NaNO<sub>3</sub>- 0,15, K<sub>2</sub>HPO<sub>4</sub> -0,004; MgSO<sub>4</sub> × 7H<sub>2</sub>O - 0,0075; CaCl<sub>2</sub> × 2H<sub>2</sub>O -0,0036; Лимонная кислота- 0,0006; Ammoniyli temir sitrat - 0,0006; Na<sub>2</sub> ЭДТА - 0,0001; Na<sub>2</sub>CO<sub>3</sub>0,002; H<sub>3</sub> BO<sub>3</sub>0,286;



$\text{MnCl}_2 \times 4 \text{H}_2\text{O}$  -0,181;  $\text{ZnSO}_4 \times 7\text{H}_2\text{O}$ -0,0222;  $\text{Na}_2\text{MoO}_4 \times 2\text{H}_2\text{O}$ -0,039;  $\text{CuSO}_2 \times 5\text{H}_2\text{O}$ -0,0079;  $\text{Co}(\text{NO}_3)_2 \times 6\text{H}_2\text{O}$ 0,0494. Bold muhiti ( $\text{CaCl}_2 \cdot 2\text{H}_2\text{O}$ -0.3 gr,  $\text{K}_2\text{HPO}_4$  - 0.48 gr,  $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$  - 3 gr, limon kislota- 2 gr, mikroelementlardan 5 ml). M9 ((Г/Л):  $\text{Na}_2\text{HPO}_4$  – 24,  $\text{KH}_2\text{PO}_4$  – 12,  $\text{NaCl}$  – 2,  $\text{NH}_4\text{Cl}$  – 4, pH –7,2).

Olingan natijalarga ko`ra, BG-11<sub>0</sub> ozuqa muhitida ekilgan o`stirishning 3-kunidagi *Anabaena variabilis* 28 shtamining biomassasi 2,88 gr ni tashkil etsa, M9 ozuqa muhitida o`stirilgan sianobakteriya biomassasi esa 0,94 gr ni hosil qilgan. Bold ozuqa muhitida o`stirilgan *Anabaena variabilis* 28 shtamining biomassasi 1,23 gr ni tashkil etsa, *Nostoc calcicola* 32 sianobakteriya biomassasi esa 0,40 grni hosil qilgan. Bu ko`rsatkichlarni boshqa shtamlarda ham kuzatish mumkin. Masalan, *Nostoc linckia* 7 shtamining biomassasi 0,93 gr ni hosil qilgani aniqlandi.

10 kun davomida turli mineral ozuqa muhitlarida o`stirilgan sianobakteriyalar biomassasi 3 va 7 kun davomida o`stirilgan sianobakteriyalar biomassasidan sezilarli ortganligini kuzatishimiz mumkin. Ayniqsa BG-11<sub>0</sub> ozuqa muhitida o`stirilgan *Anabaena variabilis* 28, *Nostoc calcicola* 32, *Nostoc linckia* 7 shtamlarining biomassasi mos ravishda 7.8, 5.93 va 6.4 gr ni hosil qilgani aniqlandi. Ushbu muhitda yetishtirish biomassaning faol to'planishiga va azot fiksatsiyasi jarayonining kuchayishiga olib keladi.

Xulosa sifatida shuni aytish mumkinki, sanoat, farmatsevtika va qishloq xo`jaligi uchun foydali va ekologik xavfsiz hisoblangan sianobakteriyalar eng yuqori miqdordagi suspenziyasi va ularning biomassasini 10 kun davomidagi o`stirish vaqtida aniqlandi va eng optimal ozuqa muhiti sifatida BG-11<sub>0</sub> ozuqa muhiti qayd etildi. Ularning asosida yuqori samarali va ekologik toza biog`it va dori vositalarini yaratish uchun diazotrofik sianobakteriyalarning yangi faol shtammlaridan foydalanish ekologik toza qishloq xo`jaligi mahsulotlarini olishning zarur bosqichidir.



## **ARTEMIZININ BIOSINTEZI ASOSIDA TUZILGAN GENETIK KONSTRUKTSIYALARNI AGROBACTERIUM TUMEFACIENS SHTAMMLARIGA KIRITISH**

Raxmanov B.K., Imamxodjayeva A.S., Ubaydullayeva X.A., Usmonov D.E., Sobirov B.M., Mirzaxmedov M.H., Jo'raqulov D.S., Abdug'afforov A.T., Sharifjonov A.A., Allayev O.O', Bo'tayev M.I., Xusanboyeva Sh.R., Shermatov Sh.E., Buriyev Z.T., Abdurahmonov I.Y.

Genomika va Bioinformatika Markazi  
bakhtiyor.rakhmanov@gmail.com

Tabiatda yovvoyi holda o'suvchi bir yillik shuvoq (*Artemisia annua* L.) o'simligi dunyoda eng qirg'in keltiruvchi kasalliklardan biri bezgakka qarshi yagona tabiiy vosita hisoblanadi. Jahon Sog'liqni Saqlash Tashkiloti tomonidan ushbu modda asosidagi maxsus preparatlar qo'llash orqali global bezgakka qarshi kurashish uchun tadbirlar va tavsiyalar ishlab chiqilgan. Artemizinin moddasini shuvoq o'simligi tarkibidan kam miqdordan ajratib olinishi va ushbu moddaga muhtoj bemorlarni qimmat bo'lmagan narxda va doimiy ta'minlash ushbu sohadagi asosiy muammolardan hisoblanadi. Shu sababli dunyo olimlari tomonidan artemizinin moddasini metabolom va gen muxandisligi yordamida begona, ya'ni aslida ushbu moddani ishlab chiqarish xususiyatiga tabiiy ega bo'lmagan o'simliklarda amalga oshirish bo'yicha tadqiqotlar olib borilmoqda.

Xususan, bizning tadqiqotlarimiz maqsadi gen muxandisligi va biotexnologiya usullari yordamida artemizinin sinteziga aloqador genlar asosida genetik konstruktsiyalar tuzish va ular yordamida transformant o'simliklarda artemizinin sintezini ta'minlash hisoblanadi.

Tadqiqotlarimizning birinchi va ahamiyatli bosqichida biz *Artemisia* o'simligida artemizinin va unga aloqador moddalarning ishlab chiqarilishida ishtirok etuvchi genlar asosida va bioinformatik dasturlar yordamida tuzilgan genetik konstruktsiyalarni *E.coli* va *A. tumefaciens* bakteriyalari shtammlarida klonlandi.



Tadqiqotimizning navbatdagi bosqichlarida o'simlik eksplantlarini tanlash va genetik konstruktsiyalarni o'simlikka kiritish jarayonlarini va sun'iy ozuqa muhitlarini optimallashtirish tajribalarini amalga oshirish rejalangan.

## **CARBON NANOTUBE–MEDIATED DNA DELIVERY IN MATURE PLANTS**

Allaev O.U., Usmonov D.E., Butaev M.I., Sharifjonov A.A., Sobirov B.M.,  
Mirvositov M.M.

Centre of Genomics and Bioinformatics  
otabekallaevbio@gmail.com

Nanomaterials have been engineered for tracking or delivery purposes in medical and biological research that have gained considerable interest in recent years. The advantageous engineering of nanomaterials of different sizes and shapes with unique physical and chemical properties have brought to implement a wide range of applications in medicine, environmental science, agriculture and food processing.

Delivery of molecules into plant cells is more challenging due to the structural composition of the plant wall, which is primarily composed of cross-linked polysaccharides. The difficulty of transportation of DNA, RNA, or protein through the rigid cell wall, exclusion of molecules larger than ~20nm, and problem with efficiency of plant regeneration technologies lead to limitations of genetic transformation in plant.

Currently, delivery biomolecules into plant cells depend on two well-established DNA transportation methods: Agrobacterium and biolistic. However, these methods suffer from the above obstacles as well as low delivery efficiencies, tissue injury, or uncontrolled DNA integration into the plant genome.

Compared to Agrobacterium-mediated gene delivery, it is now feasible to deliver the plasmid DNA (pDNA) into intact plant cells doing without external force or aid with nanomaterials including CNTs, mesoporous silica NPs (MSNs), layered double hydroxide clay nanosheets, and fusion peptide–based nanomaterials. Among these



approaches, SWNTs show number of properties that are desirable for intact plant cell delivery: (i) because of being wrapped around SWNTs by glycerolipids, they interact with the membrane. To make more clearly, a lipid exchange envelope penetration (LEEP) model helping explain how nanotubes penetrate the double lipid layer of plant cells (ii) biocompatibility, and (iii) also biodegradability. Modified SWNTs surface with PEI which have positive charges interact electrostatically with the negatively charged pDNA or siRNA. This surface modification is able to protect a genetic material against the nucleases degradation and retain its functionality until it reaches the target cell nucleus or the cytosol. The SWNT-based delivery gene enables DNA plasmid delivery with no integration of transgene in plants efficiently. Therefore, SWNTs are a favorable materials carrying pDNA into intact plants. This method can be great solution of number of problems in the resistance of the abiotic factors and the expression without integration transgene in plant.

We will use SWCT-mediated DNA delivery for wheat (*T. aestivum*) to achieve high resistance to salt, water deficiency and diseases. Currently, we are investigating the number of research in delivery of certain genes for wheat.

### **APPLICATIONS OF NANOTECHNOLOGY IN COTTON (*GOSSYPIMUM HIRSUTUM* L.) GROWTH AND CROP PRODUCTION**

Butaev I.M.<sup>1 2</sup>, Usmanov D.E.<sup>1</sup>, Allaev O.U.<sup>1 2</sup>, Sharifjonov A.A.<sup>1 2</sup>, Sobirov B.M.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Centre of Genomics and Bioinformatics

<sup>2</sup>National University of Uzbekistan  
madiyorib@gmail.com

Globally, climate change is leading to various problems in agriculture, including salinity, water scarcity, and the emergence of pests and diseases. Cotton is an important crop in Uzbekistan, but soil salinity and water shortage affect its fiber productivity and product quality. The development of cotton plants resistant to abiotic factors has



become a critical issue. The use of nanoparticles through innovative biotechnology methods provides a promising approach to enhance crop productivity and confer resistance against emerging environmental stressors. A novel method of gene transformation using nanoparticles has been developed, which enables the accurate transfer of RNA or DNA into plants. This approach overcomes the barrier presented by the plant cell wall and represents a new technique for transformation.

Nanobiotechnology based on magnets, carbon NTs with PEI (Polyethyleneimine) and other nanoparticles can promote efficient gene expression in the genetic engineering of transgenic plants. *Agrobacterium* mediated transformation and gene modification are widely used methods, but *Agrobacterium* is host-specific, and gene guns have the potential to harm plant tissue. *Agrobacterium tumefaciens* mediated transformation is laborious and time-consuming. Currently, gene transformation by nanoparticles is widely used in animal cells, but its implementation in plants has rarely been used.

Nanoparticles are usually 1-200 nm in size (magnetic particles are 200 nm, and single-walled carbon particles are around 1-10 nm). Fragments of DNA, interfering and micro-RNA can easily pass to the leaf and protoplast through spraying, soil, and infiltration.

Nanobiotechnology approaches deliver micro and macro materials to plants or introduce them into plant cells. For instance, when applied to cotton under salt stress, multi-walled carbon nanotubes (MWCNTs) with magnesium oxide (MgO) dramatically enhanced cotton production by 42.2% compared to the standard control. The growth of *Gossypium h.* in saline under the impact of cerium oxide nanoparticles on the surface of Hoagland salted with 200mM NaCl and poly (acrylic acid) has been determined.





However, little research has been conducted on gene transformation mechanisms. Our study aims to test RNAi and CRISPR/Cas9 vector constructs for cotton plants with the help of nanoparticles and to obtain new varieties resistant to abiotic factors.

**ВЛИЯНИЕ ЭКСПЛАНТА НА ТИП МИКРОКЛОНАЛЬНОГО  
РАЗМНОЖЕНИЯ ДВУХ ВИДОВ *UNGERNIA BUNGE* (*U. SEWERTZOWII*  
(REGEL) B.FEDTSCH. И *U. VICTORIS* VVED. EX ARTJUSH.)**

Х.К. Жураева, Ф.У. Мустафина

Институт ботаники Академии наук Республики Узбекистан г  
jurayevahanifa@gmail.com

Основные направления развития биотехнологии растений охватывают широкий круг задач, в том числе, ускоренного производства высококачественного посадочного материала сельскохозяйственных, лесных и декоративных культур, а также получения возобновляемого растительного лекарственного сырья и биологически активных веществ (БАВ) растительного происхождения для современной медицины и фармацевтики, сохранение генетических ресурсов растений посредством создания *in vitro* банка культуры тканей и клеток. В Институте ботаники Академии наук Республики Узбекистан в рамках проекта А-ФА-2021-146 «Создание технологии организации и размножения лекарственных растений методом *in vitro*» проводятся исследования по разработке технологии микроклонального размножения перспективных лекарственных растений двух видов рода *Ungernia* Bunge (Amaryllidaceae J.St.-Hil.): *U. sewertzowii* (Regel) B.Fedtsch. и *U. victoris* Vved. ex Artjush. с целью дальнейшей интродукции на плантациях фармацевтических кластеров лекарственных растений. Оба вида являются краснокнижными и востребованы фармацевтическими компаниями.



*U. sewertzowii*. Многолетник. Эндемичное среднеазиатское растение, распространенное в Ташкентской области и в Южном Казахстане (рис. 1). Унгерния Северцова издавна применялась в народной медицине Узбекистана. Печеные луковицы унгернии использовались в качестве ранозаживляющего средства, их прикладывали также к фурункулам для очищения от гноя. В настоящее время в медицине употребляют ликорина гидрохлорид как отхаркивающее средство при хронических и острых воспалительных процессах в легких и бронхах и при бронхиальной астме [1-3].

*U. victoris*. Многолетник. Эндемичное растение, распространенное на Гиссарском хребте и его южных отрогах (рис. 2). Применяют галантамина гидробромид при миастении, прогрессивной мышечной дистрофии, двигательных и тактильных нарушениях, связанных с невритами, полиневритами, радикулитами [4, 5].

В качестве эксплантов в данной работе были использованы семена (части проросшего семени и интактные зародыши), чешуйки и донца луковиц, а также корни луковиц.

Проведенные нами исследования по анализу роли отобранного типа экспланта на протекание процесса микроклонального размножения у двух видов рода *Ungernia*, *U. sewertzowii* (Regel) B.Fedtsch. и *U. victoris* Vved. ex Artjush. Показали, что (1) тип экспланта в значительной степени определяет тип микроклонального размножения видов; (2) базальная часть луковичек характеризуется наивысшей регенерационной способностью. Использование нижней 2/3 часть луковичек позволяло инициировать каллусогенез и эмбриогенез; (3) для *U. sewertzowii* и *U. victoris* основными формами морфогенного ответа в культуре ткани при использовании луковичных чешуй в качестве эксплантов являются каллусогенез и эмбриогенез. При этом

морфогенный ответ зависит в большей степени от типа питательной среды: на питательной среде Мурасиге и Скуга (1962) в основном наблюдается каллусогенез, на питательной среде по прописи Воллосовича (1979) наблюдались каллусогенез и эмбриогенез; (4) концентрации и тип фитогормонов, используемые при введении в культуру двух исследованных видов *Ungernia*, являются видоспецифичными; (5) для *U. sewertzowii* и *U. victoris* основными формами морфогенного ответа в культуре ткани при использовании частей проросшего семени (гипокотилля и корешка) в качестве эксплантов являются органогенез. При этом формирование микролуковичек, а также развитие корешков зависит в большей степени от типа и концентрации фитогормонов.

Данная работа выполнена в рамках проекта А-ФА-2021-146 «Создание технологии организации и размножения лекарственных растений методом *in vitro*» Института ботаники Академии наук Республики Узбекистан.



Рис. 1. *Ungernia sewertzowii*. А. Взрослое растение. Западный Тянь-Шань, Большой Чимган, Аксарсай. 06.05.2022. Фото Мустафина Ф.У. Б. Растение в фазе плодоношения. Западный Тянь-Шань, Большой Чимган, река Аксай. Фото Д.Э. Турдиев



Рисунок 2 *Ungernia victoris* A. A. Взрослое растение. Гиссарский хребет, Совукбулок. 28.03.2022. Фото Турдиев Д.Э. Б. Растение в фазе цветения. Фото Д.Э.

## **RAHNELLA AQUATILIS РИЗОБАКТЕРИЯЛАР ВА TRICHODERMA HARZIANUM ЗАМБУРУҒЛАРИ ШТАММЛАРИНИНГ НОРДОН ФОСФАТАЗА ХУСУСИЯТЛАРИНИ ЎРГАНИШ**

Шакиров З.С.<sup>1</sup>, Якубов И.Т.<sup>1,2</sup>, Хайруллаев А.Х.<sup>1</sup>, Мардонов И.Х.<sup>1</sup>, Karimov H.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Ўзбекистон Республикаси Фанлар Академияси Микробиология институти

<sup>2</sup>Ўзбекистон Миллий университети

zsshakirov@gmail.com

Фосфатазалар ўзига хослик ва оптимал рН каби мезонларга асосланиб, уларни бир нечта оилаларга ажратиш мумкин, улардан бири бактериялар ўзига хос бўлмаган кислота фосфогидролазалар ёки фосфатазалар (NSAP лар) оиласидир.

Мазкур фосфатазалар физиологик жиҳатдан муҳим деб ҳисобланади, чунки улар ҳужайрадан цитоплазматик мембранани кесиб ўтолмайдиган органик фосфоэфирлардан фойдаланишга ёрдам беради. Улар тупроқдаги органик фосфор тутган моддаларни парчалаб, ўсимликларни фосфорни ўзлаштиришини осонлаштиради. *Rahnella* бактериялари ва *Trichoderma* замбуруғлари нордон фосфатазалари жуда кам ўрганилган.



Ишнинг мақсади *Rahnella* бактериялари ва *Trichoderma* замбуруғлари нордон фосфатазалари аммоний сульфат тузи ёрдамида тозалаш ва уларнинг баъзи каталитик хусусиятларини ўрганишдан иборат.

*Rahnella aquatilis* бактериясининг 7 та маҳаллий штаммидан № 16 ва № 17 штаммлари (118 ва 95 мкМ/мин/мг) энг юқори фаолликга эгаллиги кўрсатилди. Қолган штаммларнинг НФ фаолликлари энг юқори штаммлар каталитик фаоллигига нисбатан 38-83 фоизни ташкил этди. *Trichoderma harzianum* № 2 штамми культурал суяқлигида (137 мкМ/мин/мг) энг юқори фаолликга эгаллиги кўрсатилди. Қолган 6 та штаммларнинг нордон фосфатаза фаолликлари энг юқори штаммлар каталитик фаоллигига нисбатан 27-63 фоизни ташкил этди.

*Rahnella aquatilis* N 16 штамми томонидан ишлаб чиқарилган нордон фосфатазасини аммоний сульфат тузи ёрдамида қисман тозалаш натижасида 100 мл культурал суяқликдан 0,99 мг оқсил ажратиб олинди. Шу босқичда нордон фосфатаза ферментининг нисбий фаоллиги 118 мкМ/мин/мг дан 666 мкМ/мин/мг гача ошди. Шу билан бирга, ферментнинг умумий фаоллигини 54,2 фоизи қайтариб олинди.

*Trichoderma harzianum* N 2 замбуруғининг штамми учун эса нордон фосфатазасини қисман тозалаш натижасида 100 мл культурал суяқликдан 0,53 мг умумий оқсил моддалари ажратиб олинди. Натижада, нордон фосфатаза ферментининг нисбий фаоллиги 137 мкМ/мин/мг дан 606 мкМ/мин/мг гача ошди. Замбуруғ нордон фосфатазасининг умумий фаоллигини 18,22 фоизи қайтариб олинди.

*Rahnella aquatilis* № 16 ва штаммларининг нордон фосфатаза препаратлари фаолликларини рН муҳитига боғлиқлигини ўрганиш иккала фосфатаза ҳам кенг рН ораллиғида фаоллик кўрсатди (рН 4,5 – 6,0). Энг юқори фаоллик *Rahnella aquatilis* № 16 ферменти учун рН 5,5-6,0 ва *Trichoderma harzianum* № 2 ферменти



учун рН 5,0-5,5 да қайд этилди.

Иккала нордон фосфатаза ферментлари реакция муҳитининг рН и 4, 7 ва 8 тенг қийматларида фаоллик деярли намоён этмади.

Бактерия ва замбуруғ штамларининг нордон фосфатаза препаратлари фаолликларини реакция муҳити ҳароратига боғлиқлигини ўрганиш *Rahnella aquatilis* № 16 ферменти учун энг юқори фаоллик ҳарорат 40-45°C бўлганда ва *Trichoderma harzianum* № 2 ферменти учун эса кенг ораликда 40°C дан 60°C гача бўлган ҳароратда қайд этилди.

Иккала нордон фосфатазаларни ҳароратга чидамлигини аниқлаш учун фермент эритмалари турли ҳароратларда 10 минут давомида инкубацияланди ва ферментларнинг нисбий фаоллиги аниқланди. Олинган натижалар *Trichoderma* замбуруғи штамми нордон фосфатазаси *Rahnella* бактерияси штамми ферментига қараганда ҳароратга бир оз юқори чидамликга эга эканлиги кўрсатилди. Иккала фермент ҳам 80°C ҳароратда 15-20 фоиз фаоллигини сақлаб қолиши кўрсатилди. Олинган натижалар ризобактерия ва замбуруғ нордон фосфатазалари қисман тозаланган фермент препаратлари юқори каталик фаолликларга ва ҳароратга чидамли эканлигини кўрсатди.



## **РИЗОБАКТЕРИЯ ШТАММЛАРИНИНГ БУҒДОЙ ФУЗАРИОЗИГА НИСБАТАН АНТАГОНИСТЛАРНИ СКРИНИНГ ҚИЛИШ**

Закирьяева С.И.<sup>1</sup>, Хомиджонова С.Б.<sup>2</sup>, Атаджанова Ш.Ш.<sup>1</sup>, Нормуродова Қ.Т.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Ўзбекистон Республикаси Фанлар Академияси Микробиология институти

<sup>2</sup>Мирзо Улуғбек номидаги Ўзбекистон Миллий университети

szakiryayeva@gmail.com

Ҳозирги кунда, ўсимликларни биологик ҳимоя қилишда биологик моддалардан фойдаланишни ва микроорганизмларнинг тирик культуралари асосидаги биологик препаратларни қўллашни ўз ичига олади. Шу билан бирга, биологик препаратларни қишлоқ хўжалиги соҳасида турли мақсадларда қўллаш мумкин: ўсимликларни фитопатогенлардан ҳимоя қилиш, уруғларнинг униб чиқиши ва ўсишини жадаллантириш, ўсимликларнинг озикланишини яхшилаш, компостлар тайёрлаш, ўсимлик илдизларининг чиритувчи патогенларини ингиберлаш ва ҳакоза. Жумладан, бир қатор тадқиқот ишларида ўсимликларнинг фузариоз касалликларига қарши курашда микроорганизмларнинг тирик культураларидан фойдаланиш келтирилган. Маълумки, патогенларнинг тажовузкор ирқлари қулай шароитларда жадал кўпайиш хусусиятига эга, аммо ноқулай экологик шароитларга нисбатан камроқ чидамли. Фузариум авлодига мансуб замбуруғ турлари тупроқда яшовчи факультатив паразитлар бўлиб, улар узоқ вақт давомида сапрофит ҳаёт кечириши ва қулай шароитларда ўсимликда касаллик келтириб чиқариши мумкин, шунинг учун тажовузкор ирқларга қарши курашда антагонистлар асосидаги биологик препаратларни яратиш ва қўллаш долзарб ҳисобланади.

Шу муносабат билан, ишимизнинг мақсади маҳаллий фосфат ва калий мобилизацияловчи ризобактерия штаммларини буғдой фузариозларига нисбатан антагонистларни скрининг қилишдан иборат.



*Rahnella*, *Bacillus*, *Enterobacter*, *Pseudomonas* ва *Pantoea* авлодларига мансуб фаол фосфат ва калий мобилизацияловчи ризобактерия штаммларининг *Fusarium graminearum*, *F. oxysporum*, *F. tricinctum* ва *F. avenaceum* фитопатоген замбуруғларига нисбатан антагонистик ва антифунгал фаолликлари ўрганилди.

Олиб борилган тадқиқотлар натижасида, ўрганилган барча фосфор ва калий парчаловчи ризобактерия штаммлари буғдой фузариозларига нисбатан турли даражада антагонистик фаолликни намоён қилиши аниқланди. *Paenibasillus dendritiformis* 25 штамми барча ўрганилган буғдой фитопатогенларига нисбатан антагонистик фаолликни (50-80%) намоён қилиши кузатилди. *Bacillus cereus* 22 ва *Pseudomonas kilonensis* 24 штаммлари *F. graminearum* ва *F. tricinctum* фитопатоген замбуруғларига нисбатан юқори фаолликни, яъни фитопатогенларни ўсишини 80-100% га ингибирлашини кўрсатди. *Rahnella aquatilis* 10 ва *R. aquatilis* 14 штаммлари фақат *F. graminearum* фитопатогенига нисбатан юқори антагонистик фаолликни (100%) намоён қилди. *R. aquatilis* 17, *Enterobacter cloacae* 7 ва *E. Cloacae* 18 штаммлари *F. graminearum* фитопатогенининг ўсишини 90% га ингибирлади. *B. megaterium* 29 штамми *F. graminearum* ва *F. avenaceum* фитопатогенларига нисбатан фаоллиги мос равишда 80% ни ташкил қилди. Қолган ризобактерия культуралари ўрганилган буғдой фитопатоген замбуруғларига нисбатан паст антагонистик фаолликни намоён қилди ва уларнинг ўсишини 20% дан 70% гача ингибирлаши аниқланди.

Шундай қилиб, маҳаллий фосфор ва калий парчаловчи ризосфера бактерияларнинг буғдой фузариозига нисбатан антагонистларни скрининг қилиш натижасида, юқори антагонистик фаолликни намоён қилган *B. cereus* 23, *P. kilonensis* 24, *Paenibasillus dendritiformis* 25, *R. aquatilis* 10, *R. aquatilis* 14, *E. clocae* 7 ва *B. megaterium* 29 штаммлари кегуси тадқиқотлар учун танлаб олинди. Ушбу





танлаб олинган антагонистлар биофунгицидлар яратиш учун асос бўлиши мумкин.

## **SOMATIC EMBRYOGENESIS TECHNOLOGY IN COTTON (*GOSSYPIMUM HIRSUTUM* L.)**

Babadjanova F.I., Ubaydullaeva X.A., Ayubov M.S., Rakhmanov B.K., Bolkiev A.A., Abdullaev S.A., Eshmurzaev J.B., Kushakov Sh.O., Abdullaev A.N., Buriev Z.T.

Center of Genomics and Bioinformatics  
missxiva@mail.ru

Cotton is one of the most important fiber crops. Since it is very sensitive to biotic and abiotic factors, it requires intensive farming. Although traditional seed breeding programs have been developed, the development of genetic diversity is necessary for the sustainable improvement of agronomic traits. The process of somatic embryogenesis, leading to the formation of a whole plant from one cell, is an important step in the genetic transformation of any plant. Somatic embryogenesis and plant regeneration have been studied in many crop species (Evans and Sharp, 1981). For the first time, somatic embryogenesis was carried out in cotton (*Gossypium klotzchianum*) in 1979, but no complete plant regenerants were obtained (Price and Smith, 1979). In *G. hirsutum*, regenerants were first obtained from Coker 310 by somatic embryogenesis (Davidonis and Hamilton, 1983). The embryo is an important stage in the life cycle of higher plants. The genetic transformation of many types of agricultural crops, including cotton, is mainly carried out by in vitro plant regeneration methods by tissue culture. An in vitro regeneration system based on somatic embryogenesis produces single-celled somatic embryos. This method has been used to transform various types of cotton. (Ganesan et al., 2006; Kouakou et al., 2007; Wang et al., 2008; Wu et al., 2009).

The goal of our research is to implement the process of somatic embryogenesis, which is considered an important stage in the process of genetic transformation in



cotton. Regenerative plants obtained by somatic embryogenesis maintain stability in the process of passing genetic information from generation to generation. Our studies were carried out in the Laboratory of Transgenomics and Tissue Culture of the Center for Genomics and Bioinformatics. We selected Coker 312 variety of *G. hirsutum* species as the initial starting material. The seeds were selected for cultivation on agar medium. Sorted seeds were sterilized with desterilized water and 70% ethyl alcohol. Sterilized seeds were planted on agar medium and grown for two weeks. The leaves and root parts of the grown cotton plants were removed and the hypocotyl was cut into 1 cm lengths and placed in a medium containing auxin and cytokinins. During 8-9 weeks, the cultured callus tissues were transplanted to new media for 3-4 months in R5 (MS - 4.34 g/L, Hamburg vitamin - 1 ml/L, 0.75 mg/L MgCl<sub>2</sub>) medium and somatic embryos appeared. Embryoids were transplanted into nutrient media with specific micro and macro elements. Somatic embryos became plants after 4-5 times of subculturing in nutrient medium. Regenerant plants with formed leaves, stems and roots were obtained. The obtained research results serve as a basis for our further research, in the implementation of the process of genetic transformation of cotton.

### **SOYADA AGROBACTERIUM TUMEFACIENS VOSITASIDAGI TRASNFORMATSIYA SAMARADORLIGINI OSHIRISH.**

Yusupov A.N., Ayubov M.S., Xatamov D.G'., Mamajonov B.O., Obidov Z.H.,  
Murodov A.A

Genomika va bioinformatika markazi  
yusupova0107@gmail.com

Soya (*Glycine max* L.) tarkibida ko'p miqdorda oqsil va yog' bo'lgan muhim dukkakli ekin bo'lib, oziq-ovqat va sanoat maqsadlarida keng yetishtiriladi. Urug'larida ko'plab to'yinmagan yog'li kislotalar, vitaminlar va minerallar mavjud. Makroelementlar va minerallar manbai bo'lishdan tashqari, soya dukkaklari tarkibida



izoflavonlar, saponinlar, oligosaxaridlar, goitrogenlar va fitoestrogenlar kabi ikkilamchi metabolitlarni saqlaydi.

Genetik o'zgartirilgan ekin sifatida transgen soya o'zining ozuqaviy, shuningdek, sanoat va farmatsevtikada qo'llanilishi tufayli dunyodagi eng katta o'rinni egallaydi. Samarali transformatsiya genetik o'zgartirilgan soyani yaxshilashning asosiy omilidir. Bugungi kunda ko'pgina tadqiqotchilar tomonidan soyada transformatsiyaning ikkita usuli qo'llaniladi. Ulardan biri embrionogen to'qimalarni DNK bilan qoplangan inert material zarralari bilan bombardimon qilish bo'lib, u ko'p mablag' talab qiladi. Ikkinchi eng kent tarqalgan, nisbatan arzon usul esa embrion o'qi, yetilmagan urug' kurtaklar yoki yangi unib chiqqan ko'chatlarning urug'kurtak to'qimalari kabi o'simlik to'qimalarini *Agrobacterium tumefaciens* L. vositachiligida transformatsiya qilishni o'z ichiga oladi. Hozirgacha soyada Agrobakteriya vositasida transformatsiya usuli bo'yicha bir qancha tadqiqot ishlari e'lon qilingan. Transformatsiya samaradorligini oshirish uchun usullarni takomillashtirish bo'yicha tadqiqotlar yillar davomida faol ravishda olib borilmoqda. Biroq, soya transformatsiyasi chastotasini yaxshilash uchun qo'shimcha tadqiqotlar talab etiladi.

Bizning tadqiqotlarimiz natijasida *Agrobacterium* vositasidagi soya transformatsiyasining samoradorligi oshganligi kuzatildi. Xususan, kurtaklarni shakillantiruvchi ozuqa muhitiga 1.1mg/L kinetin qo'shilishi kurtaklar hosil bo'lishini, kurtaklarni o'stiruvchi ozuqa muhitida 100 mg/L L-asparagin hamda 100 mg/L L-pyroglyutamin kislotalarini birgalikda qo'llanilishi esa cho'zilish chostatasini oshishiga olib kelganligi kuzatildi. Bu esa transgen soya olish muddatini 10 kungacha qisqartirdi.



## ҒЎЗА РИЗОСФЕРА БАКТЕРИЯЛАРИ ВА УЛАРНИНГ ҒЎЗАНИ ШЎРЛАНГАН ТУПРОҚЛАРДА УНИБ ЧИҚИШИГА ТАЪСИРИ

Шербекова Н.А.<sup>1,2</sup>, Закирьяева С.И.<sup>1</sup>, Атаджанова Ш.Ш.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Ўзбекистон Республикаси Фанлар Академияси Микробиология институти

<sup>2</sup>Мирзо Улуғбек номидаги Ўзбекистон Миллий университети  
szakiryaeva@gmail.com

Дунё аҳолиси сони ортиб бориши билан биргаликда, сифатли озиқ-овқат ва сифатли кийим-кечак маҳсулотига бўлган эҳтиёж ҳам ортиб бормоқда. Ғўза ўсимлиги дунё бўйича жуда кўплаб мамлакатларда етиштирилади. Пахта толаси муҳим табиий тўқимачилик толаси бўлиб хизмат қилади, пахта чигити эса озиқ-овқат ва мойнинг муҳим манбаи бўлиб хизмат қилади.

Урбанизация ва саноатлашувнинг кучайиши натижасида атроф-муҳитга таҳдидлар кучайиб, бир томондан қишлоқ хўжалиги ерларининг қисқаришига олиб келса, иккинчи томондан, экинлар ўсишининг сезиларли даражада пасайишига олиб келди. Бундай ҳолатда ўсимликларни симбиотик ва фойдали ризобактерия микроорганизмлари билан ўзаро муносабати ўсимликларнинг ривожланишида муҳим аҳамиятга эга, яъни уларни тегишли озиқ, ҳамда регуляторлар билан таъминлайди ва патоген микроорганизмлардан ҳимоя қилиб, стресс шароитларга мослаштиради. Жуда кўп ҳолларда ҳайдалма қатламнинг сифатли тавсифи тупроқ микрофлорасининг фаоллигини аниқлаши, ҳеч кимга сир эмас.

Шу сабабли, тадқиқотнинг мақсади Ўзбекистон шароитида Сирдарё вилоятининг шўрланган тупроқларда етиштирилган ғўза ризосфераси бактерияларининг хилма-хиллигини ва уларнинг ғўзани ўртача ва кучли шўрланган тупроқларда униб чиқишига таъсирини ўрганишдан иборат.

Тадқиқот мобайнида Сирдарё вилояти Гулистон туманидан баҳор, ёз ва куз мавсумларида ғўза ризосферасининг биохилма-хиллиги ўрганилди ва 30 дан



ортиқ ризобактерия изолятлари ажратилди. Баҳорги мавсумда 15 та культура, ёзги мавсумдан 10 та ва кузги мавсумда эса 12 та культура ажратилди.

Ушбу культураларнинг морфо-культурал хусусиятлари ўрганилди ва МАЛДИ ТОФ масс-спектрометрия усули ёрдамида идентификация қилинди. Натижада ажратилган ризобактерия культуралар *Enterobacter cloacae*, *Bacillus cereus*, *B. simplex*, *B. megaterium*, *B. wakoensis*, *B. endophyticus*, *B. subtilis*, *Pseudomonas chlororaphis* ва *Lactobacillus malefermentans* турларига мансуб эканлиги аниқланди. Ғўза ризосферасининг биохилма-хиллигини ўрганиш натижасида, баҳорда аммонификатор бактерияларининг миқдори  $2,5 \times 10^7$  КХБ/г, ёзда –  $1,0 \times 10^8$  КХБ/г, кузда эса –  $1,9 \times 10^9$  КХБ/г ни ташкил қилганлиги аниқланди. Ёзги ва кузги мавсумларда *Bacillus* авлодига мансуб турлар доминант турлар сифатида кўп учраши кузатилди.

Ажратиб олинган культураларнинг “Комолот” нави ғўза чигитларининг униб чиқишига таъсири лаборатория шароитида ўртача ва кучли шўрланган тупроқларда ўрганилди. Натижада *Bacillus cereus* 1XR ва *E. cloacae* 11XR культуралари билан инокуляция қилиб экилган чигитларнинг унувчанлиги (100%) ўртача шўрланган тупроқларда назоратга (90%) нисбатан юқори бўлганлиги аниқланди. Кучли шўрланган тупроқларда эса ризобактерия *B. wakoensis* 8XR, *E. cloacae* 11XR, *L. malefermentans* 7XR ва *B. endophyticus* 35XR культуралари билан инокуляция қилиб экилган чигитларнинг унувчанлиги 60-50% ни, назоратда - 30% ни ташкил қилди.

Шундай қилиб, ғўза ризосферасининг биохилма-хиллигини ўрганиш натижасида, баҳор, ёз ва куз мавсумларда 30 дан ортиқ культура ажратилди ва уларнинг тур мансублиги аниқланди. Ажратиб олинган культураларнинг ғўза чигитларининг униб чиқишига таъсири ўртача ва кучли шўрланган тупроқларда ўрганилди ва фаол культуралар танлаб олинди.



## ПОЛИМЕРАЗА ЗАНЖИР РЕАКЦИЯСИ УСУЛИ ЁРДАМИДА МИЕЛОЛЕЙКОЗ КАСАЛЛИГИНИ АНИҚЛАШ

Кадирова З.А., Хожиева Д.К.

Мирзо Улуғбек номидаги Ўзбекистон Миллий Университети,  
Гематология ва қон қуйиш илмий текшириш институти,  
zukhra\_abrarovna7@mail.ru

Охирги йилларда онкологик касалликларнинг тарқалиши кўпаймоқда. Бунга асосий сабаблар климатик шароитларнинг ўзгариши, атроф-муҳитни ифлосланиши, озон қатламининг парчаланиши, радиоактив моддалар ва нурларнинг таъсири, қишлоқ хўжалигида кимёвий кимёвий материаллар ва пестицидларнинг ишлатилишидир. Онкологик касалликлар муаммоси инсоният учун мураккаблиги, муҳимлиги ва хавфлилиги жиҳатидан энг марказий ўринда туради. Бу касалликдан ер юзида ҳар йили миллионлаб инсонлар ҳаётдан кўз юмадилар.

Миелолейкоз (оққон) мураккаб касаллик бўлиб, бутун дунёда ривожланган давлатларда ҳам, қолоқ давлатларда ҳам учрайди. Касаллик келиб чиқишининг аниқ сабаблари ҳали тиббиётга номаълум, бироқ касалликда вирусли, эндоген, кимёвий омиллар ва радиоактив нурлар, интоксикация ҳолатлари, кимёвий омиллар, генетик бузилишлар, гормонлар балансининг бузилиши ва вирусли касалликларга кўп чалинишлар сабаб бўлиши мумкин. Ушбу касаллик ёш болаларда, аёлларда, эркакларда ва қарияларда ҳам учраши мумкин. Илгари лейкоз касаллигини самарали даволаш усуллари ҳали у қадар ўрганилмаган эди, ҳозирги кунда даволаниши мумкин бўлган касалликлар рўйхатига кирмоқда, шунингдек, касалликни енгувчи даво муолажалари йўлга қўйилган.

Миелолейкоз касаллиги симптомлари дастлаб сезилмаслиги мумкин. Асосан қон таркибида ўзгаришлар кузатилади, бунда нормо-, эритро – ва



мегалобластлар кўпайиб кетади. Периферик қонда анемия, тромбоцитлар миқдорининг камайиб кетиши лейкограммадаги ўзгаришлар, қон яратилишининг тўсатдан тўхташи ва ҳоказолар кузатилади.

Миелолейкоз касаллигида қон таркибининг микроскопик диагностикасида одатда умумий қон таҳлили текшируви қўлланилади. Бу таҳлил орқали қон шакли элементларининг миқдорини ва сифат кўрсаткичи ўрганилади. Гемоглобинни текшириш энг муҳим ва асосий лаборатория текширувларидан бири ҳисобланади. Эритроцитларнинг сони ва улар морфологиясидаги патологик ўзгаришлар муҳим кўрсаткич ҳисобланиб, касалликни диагностик ва прогностик аниқлашга имкон беради. Шунингдек, қон таҳлилида лейкоцитлар миқдорининг ортиши ва нейтрофиллар сонининг камайиб кетиши, лимфоцитлар, тромбоцитлардаги ўзгаришлар ҳам муҳим аҳамиятга эга.

Бугунги кунда Ўзбекистонда миелолейкоз касаллигини аниқлашнинг замонавий усуллари самарали йўлга қўйилган, шунингдек, ушбу касалликни янада мукамал ўрганиш, ўз вақтида аниқлаш ва тўғри даволаш борасида турли хил илмий-тадқиқот ишлари амалга оширилмоқда. Бунда дастлабки қон таҳлиллари ўтказилганидан сўнг, “АмплиСенс” реагентлар тўпламидан фойдаланган ҳолда bcr-abl (вариант М-bcr) химер генидан ва abl генидан мРНК ни ажратиш ва миқдорини аниқлаш полимераза занжир реакцияси ўтказилади. ПЗР ни амалга ошириш учун дастлаб клиник материалдаги bcr-abl генини мРНК дан ажратиб олиш муҳимдир. Бунинг учун периферик қон хужайраларидан ёки суяк кўмигидан мРНК ни экстракция қилинади (Хомчинский усули бўйича). Кейин тескари транскрипция реакцияси ўтказилади, икки олигонуклеотид аралашмаси билан амплификация жараёни ўтказилади. Амплификация маҳсулотларини назорат қилиш, яъни детекция қилиш “реал вақт” режимида амалга оширилади, bcr-abl кДНК амплификация натижасини флуоресцент канали



орқали қайд этилади. Эндоген ички назорат таҳлилининг асосий босқичлари РНКни ажратиш, транспортировка қилиш, сақлаш, изоляция қилиш, РНКнинг тескари транскрипсия реакцияси ва тўғридан-тўғри кДНКни кучайтириш, назорат қилишдан иборат бўлиб, *bcr-abl* химер генидаги мРНК миқдорини аниқ ҳисоблаш имконини беради.

## ЎЗБЕКИСТОННИНГ ТУРЛИ ЗОНАЛАРИДА СОЯ ЕТИШТИРИЛГАН ДАЛА МАЙДОНЛАРИ ТУПРОҚЛАРИНИНГ МИКРОБИОЛОГИК ТАҲЛИЛИ

Шакиров З.С., Закирьяева С.И., Якубов И.Т., Мардонов И.Х.

Ўзбекистон Республикаси Фанлар Академияси Микробиология институти  
zsshakirov@gmail.com

Соя (*Glycine max* (L.) Merr.) жаҳон қишлоқ хўжалигининг энг кенг тарқалган ва фойдали оқсил-мойли экинидир. Соядан юқори ҳосил олишда *Bradyrhizobium japonicum* турига мансуб туганак бактериялар муҳим роль ўйнайди. Улар ўсимлик билан симбиотик муносабатларга киришиб, уни биологик азот билан таъминлайди. Тупроқ микрофлораси, дуккакли ўсимликлар микросимбионти бўлган ҳолда, атмосфера азотини фиксация қилиш ҳисобига тупроқни биологик азот билан бойитиш жараёнида иштирок этадиган туганак бактериялари учун муҳим экологик муҳит ҳисобланади. Азот фиксациясидан ташқари бошқа тупроқ микроорганизмлари аммонификация жараёнида иштирок этади, бу жараёнда тупроқ унумдорлиги органик азот ҳисобига ошади.

Тадқиқотимизнинг мақсади – соя етиштириб келинаётган дала майдонлари тупроқларининг микрофлораси таркибини ўрганишдан иборат.

Ўзбекистоннинг турли зоналари Тошкент, Андижон, Фарғона, Наманган, Сирдарё, Жиззах, Самарқанд, Навоий, Бухоро, Хоразм, Қашқадарё ва Сурхандарё вилоятлари соя етиштириб келинаётган дала майдонларидан тупроқ





намуналари олиб келиниб, уларнинг микробиологик таркибини ўрганилди. Микробиологик таҳлиллар натижасида тадқиқ этилган Қашқадарё, Сурхандарё, Андижон ва Тошкент вилоятлари тупроқ намуналарида аммонификатор бактерияларининг миқдори 1 грамм тупроқда  $1,1-2,0 \times 10^7$  КХБ/г ни ташкил қилди. Хоразм вилояти тупроқ намунасида аммонификатор бактерияларининг миқдори юқорида келтирилган вилоятлар тупроқларига нисбатан бир тартибга ( $7 \times 10^6$  КХБ) кам, Фарғона вилояти тупроқ намунасида эса икки тартибга кам -  $7 \times 10^5$  КХБ/г эканлиги аниқланди. Фосфорпарчаловчи бактериялар миқдори Қашқадарё вилояти тупроқларда юқори бўлиб,  $1,5 \times 10^6$  КХБ/г ни ташкил қилди. Қолган вилоятлар тупроқларида деярли бир хил тартибда ( $1-8 \times 10^5$  КХБ/г) эканлиги аниқланди. Азотсиз муҳитда ўсувчи олигонитрофил микроорганизмларининг миқдори Қашқадарё вилояти тупроқларда юқори бўлиб,  $1,2 \times 10^6$  КХБ/г ни ташкил қилди. Микроскопик замбуруғлар Қашқадарё, Сурхандарё ва Фарғона вилоятлари тупроқларида юқори бўлиб, бир хил тартибда ( $1,2-8 \times 10^4$  КХБ/г) учради. Андижон ва Хоразм вилоятлар тупроқларида эса улар бир тартибга кам ( $1-3 \times 10^3$  КХБ/г) учради. Ушбу тупроқ намуналарида *Aspergillus*, *Fusarium* ва *Miscor* авлодларига мансуб замбуруғлар учраши кузатилди.

Шундай қилиб, Ўзбекистоннинг турли зоналарида соя етиштирилган майдонлари тупроқларининг микрофлорасини ўрганиш натижасида аммонификатор бактериялари миқдори барча намуналарда нормадан бир тартибга паст эканлиги, Хоразм вилояти тупроқларида эса нормадан 2 тартибга кам эканлиги аниқланди. Деярли барча таҳлил қилинган намуналарда фосфор парчаловчи бактериялар миқдори нормадан паст, олигонитрофил микроорганизмлар нормадан бир-икки тартибга паст эканлиги, микроскопик замбуруғлар миқдори эса фақат Андижон ва Хоразм вилоятлар тупроқлардагина нормада бўлиб, қолган намуналарда уларнинг миқдори бир тартибга қўп



эканлиги аниқланди. Актиномицетлар ҳам фақат Қашқадарё ва Фарғона вилоятлари тупроқ намуналарида учради халос ва уларнинг миқдори нормадан 3 тартибга кам эканлиги, бошқа намуналарда эса улар умуман учрамаганлиги аниқланди. Олиб борилган илмий тадқиқот ишлари натижаларидан хулоса қилиш мумкинки, кишлок хўжалиги биотехнология усуллари ёрдамида Ўзбекистоннинг турли худудларидан ажратилган фаол ризобактериялар асосида ўсимликларни биологик азот, фосфор ва калий билан таъминловчи, ўсишини жадаллаштиручи ва фитопатогенлардан биологик назорат қилувчи универсал биопрепарат яратиш мумкин.

## **AZOTOBACTER VA AZOSPIRILLIUM, BACILLUS AVLODLARIGA MANSUB SHTAMMLARIDAN AJRALADIGAN FITOGORMONLAR MIQDORI**

Aliyev Z.Z., Abdullayev A.K., Shakirov.Z.S., Safarov H.Sh.,  
Boboqulov M.Sh., Imomova M.X.

O`zbekiston Fanlar Akademiyasi Mikrobiologiya instituti  
aliyevzafar24@gmail.com

O'simliklarning fiziologik faoliyati turli xil fitogormonlar, shu jumladan sitokinin, gibberellin, salitsil kislotasi, brassinosteroidlar, auksin va etilen ta'siri bilan tartibga solinadi. Qizig'i shundaki, ko'plab o'simliklar o'sishini rag'batlantiruvchi bakteriyalar bu fitogormonlarning ba'zilarini, shu jumladan sitokinin, gibberellin, salitsil kislotasi, auksin sintez qilishi yoki parchalashi mumkin.

Tadqiqot davomida *Azotobacter chroococcum*, *Azosprillum brasilense* 13-4, *Bacillus thuringiensis*ning 93, 84, 140, 26 va 31 raqamli shtammlari ustida tekshiruv ishlari olib borildi. Ushbu bakteriya shtammlarining har biri probirkalarda 15 ml hajmli go'sh-peptonli bulon (MPB) da 28 °C haroratda maxsus tebrantiruvchi apparatda



o`stirildi va fitogarmonlar sintezi kuzatildi. Natijalar 1-2 va 3- kunlarga qiyoslanib olindi.

Bunga ko`ra tekshirilayotgan bakteriya shtammlarini 1-2 va 3-kunlar spektrofotometrda aniqlangan optik zichliklari miqdoridan kelib chiqib xulosa qilindi: *A. chroococcurring* 24 soatlik o`shishi natijasida gibberellin miqdori 358 mkg/ml, ikkinchi kun 653.5 mkg/ml, uchinchi kun 388,7 mkg/ml ni tashkil qildi. *A. brasilense* 13-4 shtammi gibberellin sintezi 1-2 va 3- kunlar mos ravishda 361,4 mkg/ml, 653mkg/ml, 449mkg/ml; *B. thuringiensis*-26 shtammida esa 1-2 va 3- kunlar mos ravishda 365 mkg/ml, 650 mkg/ml, 372 mkg/mlni tashkil qildi. *B. thuringiensis* 31 shtammida uch kunlik miqdor 349 mkg/ml, 628 mkg/ml, 712 mkg/mlni tashkil qildi. *B.thuringiensis* 93 shtammida gibberellin sintezi 1-2 va 3-kunlar mos ravishda 369 mkg/ml, 658,5 mkg/ml, 275 mkg/ml ni tashkil qildi. *B.thuringiensis* 84 shtammi 370,8 mkg/ml, 661 mkg/ml, 659,8 mkg/ml miqdor gibberellin sintez qilgan. *B. thuringiensis*-1 $\phi$ o shtammida gibberellin sintezi 349,5 mkg/ml, 645 mkg/ml, 546,4 mkg/ml miqdorni tashkil qildi.

Ushbu tanlab olingan bakteriya shtammlarining gibberellin sintezi bo`yicha xulosa shundaki barcha shtamlarda gibberellin sintezi miqdor jihatidan ikkinchi kun birinchi kunga nisbatan 2 barobar ko`p sintezlangan, 3-kun fitogarmon sintezida miqdori birinchi kun gibberellin sinteziga nisbatan deyarli teng ko`rsatkich aniqlandi.

*B.thuringiensis* -31, *B.thuringiensis* -84,

*B. thuringiensis*-1 $\phi$ o gibberellin sintezi miqdori 3-kun deyarli ortgan.

*B. thuringiensis*ning 26, 31, 93, 84, 1 $\phi$ o, *A. chroococcurring* va *A. brasilense* 13-4 shtammlarida auksin sintezi birinchi kun mos ravishda 279 mkg/ml, 296,6 mkg/ml, 284,8 mkg/ml, 309,8 mkg/ml, 305,4 mkg/ml, 304,5 mkg/ml, 296,6 mkg/ml ni tashkil qildi. Ikkinchi kun bu miqdor ikki barobarga oshib, 3- kun esa *B. thuringiensis*ning 31 shtammida ikki martta kamaygan, *B. thuringiensis*ning 26, 93, 84, 1 $\phi$ o shtammlarida



esa auksin sintezi uch barobarga kamaygan, *A. brasilense* 13-4 shtammida uch barobarga, *A. chroococcum* auksin 1,5 marta kam sintez qilingani aniqlandi. Tanlab olingan mikroorganizmlar orasida *B. thuringiensisning* 31, 84, 1φ0 shtammlarida gibberelin boshqa shtammlarga qaraganda ko`p sintez qilingan. Auksinni esa *A. chroococcum*, *B. thuringiensisning* 31 va 93 shtammlari ko`p sintez qilgan.

Kimyoviy preparatlar o`rniga biologik preparatlar va bioo`g`itlar yaratish ishlari amalga oshirilayotgan bo`lsa ham, haligacha oziq-ovqat xavfsizligi global muammoligicha turibdi. Shularni inobatga olib, o`zining o`simliklarga asosiy ta`sir etuvchi funksiyasidan tashqari, fitogarmonlarni ham sintez qiluvchi bakteriya shtamlari orasidan eng samaralisini tanlab olinib o`simlikning o`sishi va hosildorlikka ijobiy ta`sir etuvchi bioo`g`itlar ishlab chiqarish amaliyotini joriy qilish asosiy vazifalarimizdan biridir.

## **ИНСУЛИН, ГОЛОВНОЙ МОЗГ, БОЛЕЗНЬ АЛЬЦГЕЙМЕРА**

Артыкбаева Г.М., Ишанходжаев Т.М., Ибрагимова Э.А., Мамаджанов А.,  
Саатов Т.С.

Институт Биофизики и Биохимии при НУУз им. М.Улугбека  
gulnoraar@rambler.ru

Ранее считалось, что мозг является нечувствительным к инсулину и неподверженным его влиянию органом, т. к. гормон не может проходить через гематоэнцефалический барьер (ГЭБ). Также отрицалась и вероятность локального синтеза инсулина в каком-либо отделе головного мозга. Однако в 1967 г. Р. Марголис и Н. Альтшулер доказали, что уровень инсулина повышается в цереброспинальной жидкости собак при его внутривенном введении. В связи с чем появилась версия о том, что гормон все же может пересекать ГЭБ через высоко специализированную транспортную систему. Спустя 10 лет было



обнаружено, что сам инсулин и его рецепторы в разных отделах головного мозга крысы.

В настоящее время известно, что система транспорта инсулина в различных областях мозга существенно различается, что приводит к дифференциации проницаемости инсулина для различных популяций нейронов, вследствие чего гипоталамус, продолговатый мозг, варолиев мост имеют более высокую концентрацию инсулина, а затылочная доля и таламус — сравнительно низкую. Инсулинтранспортная система существенно меняется в условиях голодания, переизбытка, при ожирении и старении, у пациентов с СД 2-го типа и болезнью Альцгеймера (БА). Широко признано, что инсулин играет важную роль в жизнеспособности нейронов и функционировании головного мозга. Фактически, действие инсулина необходимо для синаптической пластичности нейронов и способствует обучению и памяти. Также было показано, что инсулин способствует образованию нейронной сети, активации нейрональных стволовых клеток, росту, репарации и нейропротекции нейронов, регуляции энергетического обмена, защите клеток от окислительного стресса. Следовательно, изменения в метаболизме и передаче сигналов инсулина в центральной нервной системе могут способствовать развитию ряда заболеваний головного мозга. За последние 20 лет многие исследования показали связь между нейродегенеративными расстройствами, такими как БА и нарушением передачи сигналов инсулина в ЦНС, предполагая, что снижение действия инсулина и инсулинорезистентность могут играть важную роль в патогенезе этих заболеваний. Признание СД2 в качестве основного фактора риска развития деменции, особенно БА, побудило исследователей к поиску основных механизмов, связывающих эти два возрастных хронических заболевания. Известно, что метаболические нарушения, характерные для СД2 (например,



гипергликемия, гиперинсулинемия, гиперхолестеринемия), связаны с атрофией головного мозга и патологическими признаками БА. Инсулин и инсулиноподобный фактор роста (IGF)-1 регулируют ряд биологических процессов посредством связывания и активации двух близкородственных рецепторов тирозинкиназы, рецептора инсулина (IR) и рецептора IGF-1 (IGF-1R). Так, некоторые ученые показали, что экспрессия и активация белков IR, IGF-1R и IRS-1 снижена в мозге пациентов с БА по сравнению с контрольной группой. Дефицит передачи сигналов инсулина также может усугублять нейродегенерацию за счет увеличения фосфорилирования тау-белка, являющимся нейрональным микротрубочковым белком, обнаруженным в аксонах. Было продемонстрировано, что ассоциированное с БА снижение экспрессии мРНК тау коррелирует с нарушением передачи сигналов инсулина и IGF-1, наблюдаемым в тех же самых образцах БА, демонстрируя сильную связь между этими двумя механизмами.

### **ИССЛЕДОВАНИЕ ЛИПИДНОГО СОСТАВА ОТДЕЛЬНЫХ ЗОН ГОЛОВНОГО МОЗГА ЖИВОТНЫХ С ЭКСПЕРИМЕНТАЛЬНОЙ МОДЕЛЬЮ НДС**

Ишанходжаев Т.М., Артыкбаева Г.М., Мустафакулов М.А, Зайнутдинов Б.Р.,  
Саатов Т.С.

Институт Биофизики и Биохимии при НУУз им. М.Улугбека  
gulnoraar@rambler.ru

Влияние СД2 на головной мозг в настоящее время хорошо известно: заболевание является основным фактором риска снижения когнитивных функций и деменции. Фактически, СД2 увеличивает долгосрочный риск развития деменции почти в 2 раза, и каждый десятый случай деменции среди населения мира может быть связан с последствиями СД2. С целью изучения эффекта СД на головной мозг была создана модель нейродегенеративного состояния (НДС) на



животных. Для воспроизведения спорадической модели НДС или СДЗ типа общепринятая методика создания модели введением нейротоксина была изменена и дополнена в нашей модификации. В наших экспериментах для воспроизведения спорадического НДС с симптомами Альцгеймера животных кормили в течение трех месяцев специальной высококалорийной диетой. Мониторинг за воспроизведением модели производили еженедельно, измерением веса животных, поведенческих тестов и определением отдельных биохимических параметров: уровень глюкозы, инсулина, липидов и холестерина. Мы исследовали липидный состав отделов мозга животных с воспроизведенными моделями НДС. При исследовании липидного состава обонятельной луковицы животных с экспериментальной моделью НДС обнаружено, что в экспериментальной группе животных атерогенная высококалорийная диета и введение стрептозоцина вызывает определенные изменения в содержании полярных и нейтральных липидов. В частности наблюдается увеличение лизоформ фосфолипидов, фосфатидной кислоты и общего холестерина на фоне незначительных уменьшений отдельных фракций фосфолипидов. При исследовании липидного состава гиппокампа головного мозга животных с экспериментальной моделью НДС с симптомами энцефалопатии обнаружено увеличение лизоформ фосфолипидов, фосфатидной кислоты и холестерина на фоне снижения содержания СМ и ФС и общего уровня фосфолипидов и некоторой тенденции в снижении ФИ и гликолипидов. Наблюдаемое повышение лизоформ фосфолипидов и фосфатидных кислот указывает на активацию фосфолипаз при воспроизведении модели НДС, что, очевидно, влияет на ацетилхолиновые рецепторы клеток мозга и на нейропластичность нервных клеток в целом. Известно, что увеличение холестерина влияет на микровязкость мембран клеток и на



образование агрегатов А $\beta$  белка, что очевидно является важным фактором в возникновении инсулинорезистентности при воспроизведении модели НДС. Исследование липидного состава нигростриатной зоны головного мозга животных с экспериментальной моделью НДС с симптомами энцефалопатии показало, что при воспроизведении модели НДС наблюдается увеличение содержания ЛФХ и ФК как и в ткани гиппокампа, содержание остальных фракций и общее содержание фосфолипидов меняется незначительно, хотя наблюдается некоторая тенденция в увеличении содержания ФИ и уменьшение СФ и ФХ фракций, а также увеличение на 15% относительного содержания холестерина к сумме фосфолипидов. Возможно, что при воспроизведении экспериментальной модели НДС на фоне повышения свободнорадикального окисления липидов увеличивается активность фосфолипаз, что и приводит к повышению содержания ЛФХ и ФК, а повышение холестерина и соотношение его с фосфолипидами вызывает изменение микровязкости мембран нервных клеток в этом участке мозга. Следует отметить, что эти изменения в липидном спектре ткани мозга, возможно, оказывают влияние на состояние рецепторных, в том числе инсулиновых и синаптических участков мембран и на передачу сигнала нервными клетками, что является, очевидно, одной из причин наблюдаемых изменений в поведенческой активности животных при воспроизведении модели НДС.





## **РНК ИНТЕРФЕРЕНЦИЯ ТЕХНОЛОГИЯСИ ЁРДАМИДА БУҒДОЙ (*TRITICUM AESTIVUM L.*) НИНГ РНУА1 ГЕНИНИ *AGROBACTERIUM TUMEFACIENS* ВОСИТАСИДА ТРАНСФОРМАЦИЯ ҚИЛИШ**

Эшмурзаев Ж.Б., Абдуллаев А.Н., Болқиев А.А., Абдуллаев С.А. Бабаджанова  
Ф.И., Убайдуллаева Х.А. Буриев З.Т.

Геномика ва биоинформатика маркази  
jahon-2018@list.ru

Бугунги кунда қишлоқ хўжалиги маҳсулотларини ишлаб чиқаришининг самарадорлиги инсониятнинг доимий ўсиб бораётган эҳтиёжларини қондиришга имкон бермайди. Шу боис озиқ-овқат муаммосини ҳал қилиш учун, биринчи навбатда, асосий озиқ-овқат экинлари, жумладан, буғдой (*Triticum aestivum L.*) ҳосилдорлигини ошириш зарур. Ҳаммамизга маълумки, ўсимликларнинг юқори ҳосилдорлигига эга бўлишда ташқи муҳит омиллари алоҳида ўринга эга шу жумладан ёруғлик буғдой униб чиқишдан то пишиб етилгунга қадар ўз таъсирини кўрсатади. Ёруғликни назорат қилишда буғдойнинг фитохром генлар оиласига мансуб фитохром А, фитохром В, ва фитохром С генлари иштирок этади. Шу ўринда буғдой ўсимлигида бир қатор агрономик кўрсаткичларни яхшилаш, бугунги кунда замонавий биотехнологиянинг сўнги ютуқларидан бири бўлган РНК интерференция технологияси ёрдамида эртапишар, ҳосилдор, касаллик ва зараркунандаларга чидамли янги навларни яратиш имконини беради. Тадқиқотларимиз Геномика ва биоинформатика марказининг Трансгеномика ва тўқималар культураси лабораториясида олиб борилди. *Agrobacterium tumefaciens* воситасида РНУА1 РНКи генетик конструкция билан трансформация қилинди. РНК интерференцияси технологияси асосида яратилган ушбу генетик конструкция буғдойнинг РНУА1 гени фаолиятини сусайтиришдан иборат. Тажрибада буғдойнинг Bobwite, Бардош, Термиз, Оқмарварид навлари танлаб олинди. Танлаб олинган намуналарнинг уруғлари марказнинг махсус



иссиқхонасида экилди. Униб чиққан буғдой майсалари бошоқлаш фазасидан (мумпишиш) 14-18 кундан кейин бошоқлари олиниб зарарли микроорганизмлардан стериллаш мақсадида бошоқлардан ажратилган етилмаган эмбрионлар 70 % этанол ( $C_2H_6O$ ) да 1 минут аралаштирилди, 10 % натрий гидрокларит ( $NaClO$ ) да 7 минут сақланди ва стерилланган сув ( $H_2O$ ) да 3 марта чайилди. Стерилланган етилмаган эмбрионларга РНУА1 РНКи вектор конструкция трансформация қилинди. Трансформация қилинган эмбрионлар махсус сунъий озук муҳитида қоронғу жойга 3 кун  $24\text{ }^{\circ}C$  га қўйилди. 3 кундан сўнг канамицин антибиотикли озукка кўчирилди ва каллус тўқималар ҳосил бўлиши учун ёруғлик шароитида ўтказилди. Ҳозирги кунда трансформация қилинган буғдой эксплантларидан каллус тўқималар ҳосил бўлиш жараёнлари давом этмоқда.

## **КАРДИОМИОЦИТЛАРДА ДКВ-6 ВА ДКВ-8 КОНЪЮГАТЛАРИНИНГ RyR2 ФУНКЦИЯСИГА ТАЪСИРИНИ БАҲОЛАШ**

<sup>1</sup>Бобоев С.Н., <sup>1</sup>Жумаев И.З., <sup>1</sup>Усманов П.Б., <sup>2</sup>Журакулов Ш.Н.

<sup>1</sup>ЎзМУ хузуридаги Биофизика ва биокимё институти  
<sup>2</sup>ЎзР ФА Ўсимлик моддалар кимёси институти.  
sadridin-2022@mail.ru

Юрак мускулларининг қисқариш ва бўшашиш жараёнларида саркоплазматик ретикулум (СР) даги  $Ca^{2+}$ - транспорт тизимлари ( $Ca^{2+}$  АТРаза ва RyR2) муҳим ахамият касб этади. Ушбу  $Ca^{2+}$ - транспорт тизимларининг функционал фаоллигининг бузилиши бир қатор юрак-қон томир касалликларининг ривожланишига олиб келади. Шунингдек, ушбу касалликларнинг олдини олиш ва даволашда янги дори препаратларини ишлаб чиқиш замонавий тиббиёт ва фармакологиянинг долзараб муоммоларидан бири бўлиб ҳисобланади. Шунининг олди олиш ва даволашда янги дори препаратларини ишлаб чиқиш замонавий тиббиёт ва фармакологиянинг долзараб муоммоларидан бири бўлиб ҳисобланади. Шунининг олди олиш ва даволашда янги дори препаратларини ишлаб чиқиш замонавий тиббиёт ва фармакологиянинг долзараб муоммоларидан бири бўлиб ҳисобланади. Шунининг олди олиш ва даволашда янги дори препаратларини ишлаб чиқиш замонавий тиббиёт ва фармакологиянинг долзараб муоммоларидан бири бўлиб ҳисобланади.



институти ходимлари тамонидан синтез қилинган ДКВ-6 ва ДКВ-8 конъюгатларининг каламуш юраги папилляр мускул қисқариш фаоллигига мусбат инотроп таъсирида миокард хужайралари RyR2 нинг иштироки текширилди.

Тадқиқотларда дастлаб Кребс–Хензелейт физиологик эритмаси қуйилган махсус идишда папилляр мускул препарати тайёрланди ва папилляр мускул препаратининг қисқариш фаоллигини қайд қилишда механографик қурилма (Mayflower Tissue Bath System, Hugo Sachs Electronic, Германия) ва аппарат-дастурий комплекси (LabScibe 2, World Precision Instruments, USA) ёрдамида амалга оширилди. Каламуш юраги чап қоринчасидан ажратиб олинган папилляр мускули 20 мл ҳажмли термостатга уланган ( $36\pm 1^\circ\text{C}$ ) камерага ўрнатилади, қуйидаги таркибдаги кислородли карбоген ( $\text{O}_2$ –95% ва  $\text{CO}_2$ –5%) Кребс физиологик эритмаси билан доимий перфузия қилинади: NaCl – 150; KCl – 4;  $\text{CaCl}_2$  – 1,8;  $\text{MgCl}_2$  – 1;  $\text{NaHCO}_3$  – 14;  $\text{NaH}_2\text{PO}_4$  – 1,8;  $\text{C}_6\text{H}_{12}\text{O}_6$  – 11,5; глюкоза 11 мМ, (pH=7,4).

Шунингдек, тадқиқотлар давомида ДКВ-6 ва ДКВ-8 конъюгатларининг CP RyR2 функциясига таъсирини тетракаин ва рутений қизили инкубацияси шароитида пост-рест потенцияция (ПРП) қийматига таъсири текширилди. Бунда, ушбу ўрганилаётган биологик фаол моддаларнинг мусбат инотроп таъсир кўрсатиши аниқланди. Рутений қизилини 10-мкМ (назорат 100%) инкубация қилиниши мускул қисқариш кучини  $63\pm 7,3\%$  га камайтирди. Ушбу шароитда ДКВ-6 (50-мкМ) ва ДКВ-8 (40-мкМ) конъюгатлари юрак мускул қисқариш кучини мос равишда  $72\pm 5,3\%$  ва  $83\pm 4,9\%$  га ошириши қайд қилинди. Кейинги тадқиқодларимизда тетракаиннинг 15-мкМ инкубация қилиниши қисқариш кучини  $64\pm 5,3\%$  га камайтирган шароитида ДКВ-6 ва ДКВ-8 конъюгатлари қисқариш кучини мос равишда  $79\pm 5,4\%$  ва  $83\pm 3,1\%$  га ошириши кузатилди.



Хулоса қилиб шуни айтишимиз мумкунки текширилаётган биологик фаол моддалар мусбат инотроп таъсири юрак мускул хужайралари  $Ca^{2+}$ -гомеостазида муҳим аҳамиятга эга бўлиб, бунда CP RyR2 нинг иштироки қисман мавжуд эканлигини тахмин қилиш мумкин.

## **12-HYDROXYNORFLUOROCURARINE CHLOROMETHYLATE INDOL ALKALOIDINING PAPILLYAR MUSKUL QISQARISH FAOLLIGIGA INOTROP TA'SIRINI BAHOLASH**

E.B. Ibragimov<sup>1</sup>., I.Z. Jumayev<sup>1</sup>., P.B. Usmanov<sup>1</sup>., Sh.M. Adizov<sup>2</sup>.

<sup>1</sup>O'zMU huzuridagi Biofizika va biokimyo instituti.

<sup>2</sup>O'zR FA S.Y. Yunusov nimidagi O'simlik moddalari kimyosi instituti.

eldor.ibragimov1512@gmail.com

Bugungi kunda yurak-qon tomir tizimi kasalliklari (YQTK) sababli o'lim va nogironlik xavfining ortib borishiga sabab bo'lmoqda. Bir qancha ilmiy izlanishlar natijalariga ko'ra, so'nggi o'n yillikda ko'plab kashfiyotlar bo'lishiga qaramay, yurak-qon tomir kasalliklari butun dunyoda aholi orasida YQTKning keng tarqalganligi sababli o'limning asosiy sabablaridan biri bo'lib qolmoqda. Ma'lumki YQTKning yuzaga kelishinig aksariyat sabablari asosan kardiomiotsit ion transport tizimidagi o'zgarishlar hisolanadi. Ushbu ion kanallarini modulyatsiya qilishda mahalliy o'simliklardan ajratib olinadigan tabiiy biologik faol moddalar keng ko'lamga ega. O'simliklar an'anaviy tibbiyotda muhim o'rin tutadi. Ular orasida alkaloidlar 4000 yil oldin aniqlangan, foydalanilgan va boy terapevtik ta'siri bilan yaxshi ma'lum bo'lgan muhim ikkilamchi metabolitlardir. Alkaloidlar antiproliferativ, antibakterial, antioksidant salohiyatga ega bo'lib, ular dori vositalarini ishlab chiqish uchun istiqbolli manba hisoblanadi. Shuni inobatga olgan holda tadqiqotlarda 12-hydroxynorfluorocurarine chloromethylate indol alkaloidining kalamush yuragi papillyar muskul qisqarish faolligiga inotrop ta'sirini tekshirdik.



Kalamush yuragi papillyar muskul qisqarish faolligini izometrik sharoitda qayd qiluvchi SI-BAM21-LC (World Precision Instruments Ins USA) yordamida o'rganildi. Ushbu sharoitda qo'zg'atish chastotasi pog'ona darajasidan 20% yuqori, kuchlanish amplitudasi 5V, davomiyligi 10 ms ni tashkil qiladi. Olingan natijalar OriginPro 9.1 (OriginLab Corporation, USA) kompyuter dasturi yordamida tahlil qilindi.

Biz olib borayotgan tadqiqotlarning dastlabki bosqichida 12-hydroxynorfluorocurarine chloromethylate indol alkaloidining kalamush yuragi papillyar muskul preparati qisqarish kuchiga dozaga bog'liq ta'sirini tekshirganimizda ma'lum bo'ldiki, ushbu indol alkaloid minimal konsentratsyadan (1 mkM) maksimal konsentratsiyagacha (75 mkM) muskul qisqarish faolligiga musbat inotrop ta'sir ko'rsatishi aniqlandi. 12-hydroxynorfluorocurarine chloromethylate alkaloidi 75 mkM da muskul qisqarish kuchini nazoratga nisbatan (nazorat 100% deb olingan)  $222,4 \pm 3.4\%$  ga oshirishi kuzatildi.

Ma'lumki kardiomiotsit plazmatik membranasida qo'zg'alish yuzaga kelishida  $\text{Na}^+$  kanallari muhim ahamiyatga ega. Tadqiqotlarimizning keyingi bosqichida  $\text{Na}^+$  kanalining spetsifik blokatori lidokain ( $IC_{50}=15,4$  mkM) yordamida ushbu kanallarning yarim bloklangan holatda o'rganilayotgan alkaloidning maksimal 75 mkM konsentratsiyasi ta'sirida papillyar muskul qisqarish kuchini nazoratga nisbatan  $124 \pm 2,9\%$  ga oshirganligi qayd etildi.

Olib borilgan tadqiqot natijalariga ko'ra o'rganilayotgan ushbu alkaloid papillyar muskul qisqarish kuchini dozaga bog'liq musbat inotrop ta'sirga ega bo'lib, musbat inotrop ta'sirida  $\text{Na}^+$ - kanallarining sezilarli darajada ishtiroki borligini taxmin qilish mumkin.



## USING THE PROBIOTIC *PEDIOCOCCUS ACIDILACTICI* TO PRODUCE LACTOSE-FREE DAIRY PRODUCTS

Shukurov Sh.B.<sup>1</sup>, Razzokova R.B.<sup>1</sup>, Davlatboyeva U.A.<sup>2</sup> Abrorxojayev A.A.<sup>2</sup>,  
Baxtiyorova D.O.<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Center for Advanced Technologies

<sup>2</sup>National University of Uzbekistan named after M.Ulugbek

<sup>3</sup>Cambridge International College  
shohrukhshukurovbio@gmail.com

Lactose intolerance is characterized by pain in the abdomen, diarrhea and abdominal rest caused by the indigestion of lactose in food in the small intestine. Lactose is a sugar that is naturally found in milk and dairy products such as cheese or ice cream. Worldwide lactose intolerance accounts for 68% of the total. In particular, in Uzbekistan, this indicator is much higher, about 92%. The joint problem with the digestion of milk puts forward the issues of lactose-free Organization of the diet of food, which is caused by secondary signs, including weight loss, a decrease in Calcium absorption. The solution we propose is to use the probiotic *Pediococcus acidilactici* to lactate milk.

The enzyme beta-galactosidase, which is diluted from *Pediococcus acidilactici*, is 22 times higher than that of other studied strains. This allows us to lactose milk even in the case when it is not induced. *Pediococcus acidilactici* began by collecting objects that could be encountered. For this, 37 different samples from milk and dairy products (yogurt, cheese, yogurt, cottage cheese), meat, fish, pickles, tomatoes, cabbage were grown and indetized in MRS Agar. According to this, it was noted that samples from cheese and meat contained *Pediococcus acidilactici*. The specimen was grown in a 500 ml MRS environment for 24 hours at 200 rpm, 31<sup>0</sup> C. After 24 hours, the sediment was collected by separating 2 to 250 ml and centrifuging at 10,000 xg for 30 minutes. The first portion was resuspended at Z buffer (0.05 M, pH-7) to determine probiotic synthesizing enzyme activity. ONPG (ortho-nitrophenyl β-D-glucoopyranoside) test



analysis was also conducted. 2-3 drops of ONPG were added to the 0.5 ml suspension, after 10 minutes the test tube turned yellow, suggesting that yellow O-nitrophenol was formed by catalyzing ONPG degradation of  $\beta$ -galactosidase.

The remaining bacterial culture sediment was dissolved in 50 ml of 0.05 M  $\text{Na}_3\text{PO}_4$  (pH-6.8) and added to milk at a ratio of 1:1000. To test the activity of the enzyme, 20 people of different ages with problems with the digestion of lactose were selected. In 85% of them, it was noted that there were no unfavorable situations after milk consumption.

## **F-25 АЛКАЛОИДИНИНГ ВАЗОРЕЛАКСАНТ ТАЪСИРИДА L-ТИП $\text{Ca}^{2+}$ -КАНАЛЛАРИНИНГ ЎРНИНИ АНИҚЛАШ**

Зарипов А.А.<sup>1</sup>, Есимбетов А.Т.<sup>2</sup>, Фазылбекова Д.А.<sup>2</sup>, Усманов П.Б.<sup>1</sup>, Жўракулов Ш.Н.<sup>3</sup>

<sup>1</sup>ЎзМУ хузуридаги Биофизика ва биокимё институти

<sup>2</sup>Самарқанд давлат ветеринария медицинаси, чорвачилик ва биотехнологиялар университети, Нукус филиали,

<sup>3</sup>ЎзР ФА Ўсимликлар моддалари кимёси институти  
salimz10@mail.ru

L–тип  $\text{Ca}^{2+}$ –каналли қон томир девори силлиқ мускул хужайралари қисқариш функцияси орқали қон томир ички бўшлиғи диаметри ва ўз навбатида, қоннинг меъерий циркуляцияси регуляциясини таъминлайди ва силлиқ мускул хужайрасида  $[\text{Ca}^{2+}]_{in}$  гомеостазини бошқарилишида марказий ўринни эгаллайди [1]. Қон томир силлиқ мускул хужайралари функционал фаоллиги тaminланишида  $[\text{Ca}^{2+}]_{in}$  динамик ўзгариши катта ахамиятга эга бўлиб, силлиқ мускул хужайрасида гиперкалийли эритма билан юзага келтирилган қисқариш кучи бевосита  $\text{Ca}^{2+}_L$ –каналли активацияси билан боғлиқлиги тасдиқланган [2]. Шунингдек,  $\text{Ca}^{2+}_L$ –каналлари функционал фаоллигининг бузилиши бир қатор қон томир касалликларининг ривожланишига олиб келади. Шунга боғлиқ ушбу каналлар юрак–қон томир касалликларининг адекват терапиясини таъминловчи,



нисбатан истиқболли нишон сифатида қаралади. Шуларни инобатга олиб F-25 алкалоидининг каламуш аорта препаратида вазорелаксант таъсирини таъминлашда L-тип  $\text{Ca}^{2+}$ -каналларининг иштирокини ўрганишни мақсад қилиб олдик.

Тажрибалар изометрик шароитда, оқ каламушлар (200-250 гр.) аорта қон-томир препаратида олиб борилди. Тажриба ҳайвонлари цервикал дислокация усулида жонсизлантирилди ва кўкрак қафасини очилиб, жарроҳлик йўли билан аорта қон томири ажратиб олинди ҳамда Кребс–Хензелейт физиологик эритмаси (мМ): NaCl - 120,4; KCl - 5;  $\text{NaHCO}_3$  - 15,5;  $\text{NaH}_2\text{PO}_4$  - 1,2;  $\text{MgCl}_2$  - 1,2;  $\text{CaCl}_2$  - 2,5;  $\text{C}_6\text{H}_{12}\text{O}_6$  - 11,5 ( $\text{pH}=7,4$ ) билан перфузияланган экспериментал ячеякага (5 мл) жойлаштирилди. Ҳарорат ( $+37\pm 0,5^\circ\text{C}$ ) U-8 ультратермостати (Россия) ёрдамида таъминланди

F-25 изохинолин алкалоидининг Гиперкалийли (50 мМ) эритма билан индуцирланган каламуш аорта препаратининг қисқаришига таъсири ўрганилганда, алкалоиднинг дозага боғлиқ (1 – 35 мкМ) вазорелаксант таъсирга эга эканлиги кузатилди. Яни, F-25 изохинолин алкалоиди 1 мкМ концентрацияда аорта препарати қисқариш фаоллигини назоратга нисбатан  $5,6\pm 2,3\%$  га камайтирган бўлса, максимал 35 мкМ концентрацияда  $93,7\pm 3,4\%$  га камайтириши аниқланди. Бунда F-25 алкалоидининг  $EC_{50}$  (қисқариш кучини максималга нисбатан 50% га камайтирувчи концентрацияси) қиймати 16,8 мкМ га тенг бўлди

Шунингдек,  $\text{Ca}^{2+}_L$ -каналининг специфик блокатори – верапамил (0,1 мкМ) ёрдамида амалга оширилган тажрибаларда ушбу натижалар кўшимча таҳлил қилинди. Жумладан, тажрибаларда  $\text{Ca}^{2+}_L$ -каналининг блокатори верапамил ( $EC_{50}=0,1$  мкМ) инкубацияси шароитида аорта силлиқ мускул препаратининг қисқариш кучи назоратга нисбатан  $50,2\pm 3,3\%$  га камайиши ва ушбу шароитда F-





25 алкалоиди ( $EC_{50}=16,8$  мкМ) қисқариш кучини қўшимча  $25,9\pm 3,8\%$  гача сусайтириши (назоратга нисбатан  $76,1\pm 3,8\%$ ) аниқланди.

Ўтказилган тажриба натижаларидан, F-25 алкалоидининг аорта қон томир силлиқ мускул хужайраларига вазорелаксанти таъсири плазмалеммада жойлашган потенциалга боғлиқ  $Ca^{2+}_L$ - каналлари блокадаси билан боғлиқлиги аниқланди. Шунингдек, верапамил инкубацияси шароитида қисқариш кучини қўшимча камайтириши  $Ca^{2+}_L$ -каналлари блокадасидан ташқари қўшимча таъсир механизмига эга эканлигини кўрсатади.

## ИЗУЧЕНИЕ СИГНАЛЬНОЙ СИСТЕМЫ ИНСУЛИНА В ГОЛОВНОМ МОЗГЕ КРЫС

Саатов Т.С., Ишанходжаев Т.М., Артыкбаева Г.М., Мустафакулов М.А.

Институт Биофизики и Биохимии при НУУЗ им. М.Улугбека  
gulnoraar@rambler.ru

Инсулин и инсулиноподобный фактор роста (IGF)-1 регулируют ряд биологических процессов посредством связывания и активации двух близкородственных рецепторов тирозинкиназы, рецептора инсулина (IR) и рецептора IGF-1 (IGF-1R). Несколько исследований показали, что IR и IGF-1R, а также их общие нижележащие пути в большом количестве находятся в головном мозге, и, что более важно, эти пути функционируют как регуляторы нейрогенеза, функций мозга и энергетического баланса и системного гомеостаза. Наибольшая концентрация IR находится в гипоталамусе, гиппокампе, в обонятельной луковице, мозжечке, миндалинах и коре головного мозга, что свидетельствует о многофункциональности инсулина. Инсулин — это пептидный гормон, состоящий из двух цепей и 51 аминокислотного остатка, не может пассивно проходить через гематоэнцефалический барьер (ГЭБ), но, тем не менее, он обнаружен в спинномозговой жидкости. После достижения ЦНС инсулин



связывается с IR, который принадлежит к семейству рецепторов тирозинкиназы. Интересно, что IR-субъединицы, обнаруженные в головном мозге, имеют структуру, отличную от периферических, и основным отличием является более низкая молекулярная масса IR-субъединиц мозга, вероятно, из-за различного гликозилирования. Предполагается, что инсулин обладает нейропротекторными свойствами и оказывает нейротрофическое действие на нейроны ЦНС. Более того, это может положительно влиять на когнитивные функции, включая эмоции, внимание, исполнительное функционирование, обучение и память. После связывания инсулина с рецептором инсулина (IR) происходит аутофосфорилирование, которое необходимо для его активации. Затем активированный рецептор инсулина фосфорилирует белки субстраты IRS. Одним из основных нижестоящих путей белков IRS является каскад PI3K / Akt. Это, в свою очередь, запускает множественные нисходящие пути, включая гликогенсинтазкиназу  $3\beta$  (GSK- $3\beta$ ). Было показано, что многие из этих путей играют ключевую роль в нормальной работе головного мозга. Передача сигнала инсулина мембранными полипептидными субстратами рецептора внутрь клетки и последующего транспорта глюкозы в клетки-мишени осуществляется глюкозотранспортером -4 (Glut -4). Инсулинзависимые ткани нуждаются в более высоком уровне гормона в крови для транспорта и утилизации глюкозы.

Целью работы явилось изучение экспрессии белков IR, GSK- $3\beta$ , Glut-4 в ткани гиппокампа у экспериментальных крыс с сахарным диабетом.

Крысы были разделены на 3 группы: интактный контроль; крысы, содержащиеся на атерогенной высококалорийной диете; крысы, которым вводили нейротоксин для стимуляции нейродегенеративных изменений. После забоя животных, отделяли мозг и вырезали участок гиппокампа. Отобранные зоны головного мозга гомогенизировали с помощью ручного гомогенизатора в



лизирующем буфере. Затем образцы центрифугировали при 4°C и собирали супернатанты. Концентрацию белка в лизатах головного мозга измеряли с помощью метода Лоури при длине волны 750 нм. Далее образцы для скрининговых исследований разделяли с помощью электрофореза в полиакриламидном геле с додецилсульфатом натрия и переносили на поливинилидендифторидную мембрану методом Вестерн-блот. Количественное содержание маркеров инсулинорезистентности определяли с помощью твердофазного иммуоферментного анализа ELISA.

Иммуоферментный анализ активности рецепторов инсулина и гликогенсинтаза киназы показал, что содержание животных на атерогенной высококалорийной диете и дальнейшее введение нейротоксина привело к достоверным изменениям изученных показателей. Из литературных данных известно, что снижение активности IR, GSK-3 $\beta$  связано с изменениями сигнализации инсулина. В наших исследованиях снижение активности GSK-3 $\beta$  связано с фосфорилированием остатков тирозина и серина при прохождении сигнала инсулина. В результате, по-видимому, снижение активности GSK-3 $\beta$  происходит из-за ошибок в реакции фосфорилирования аминокислот. По литературным данным, изменение фосфорилирования остатков тирозина или серина GSK-3 $\beta$  приводит к накоплению  $\beta$ -амилоида и тау-белка.

В группах, содержащихся на атерогенной диете и принимавших нейротоксин, в гиппокампе головного мозга экспрессия глюкозотранспортера Glut-4 была снижена по сравнению с интактным контролем на 15 и 19%, соответственно. Т.о., в результате нарушения сигналинга инсулина перемещение Glut-4 к наружной поверхности мембраны клетки замедляется, транспорт и метаболизм глюкозы снижается. Снижение фосфорилирования остатков тирозина и серина белка Glut-4 в контрольной и экспериментальной группах



свидетельствует о состоянии инсулинорезистентности, что приводит к изменениям параметров поведенческой активности экспериментальных животных. Таким образом, в наших экспериментах содержание животных на высококалорийной атерогенной диете с введением нейротоксина оказывает эффект на отдельные этапы сигналинга инсулина в клетках ткани мозга.

### **DORIVOR BOYCHECHAK (*GALANTHUS WORONOWII* L.) O'SIMLIGINI IN VITRO SHAROITIDA MIKROKLONAL KO'PAYTIRISHDA FITOGORMONLARNING TASRI**

Babadjanova F.I., Yoqubova S.R., Ubaydullaeva X.A., Abdullaev A.N.,  
Eshmurzaev J.B., Buriyev Z.T.

O'zbekiston Fanlar akademiyasi Genomika va bioinformatika markazi,  
f.babadjanova@genomics.uz

Bugungi kunda aholi soni ortishi va iqlim o'zgarishi inson salomatligiga salbiy tasir qilib, buning natijasida turli xil kassaliklarni kelib chiqishiga sabab bo'lmoqda. Bu kassaliklar bilan chalingan bemorlarni davolshda dori-darmonlarga bo'lgan talab tobora ortib bormoqda, bu dori vositalarning manbai dorivor o'simliklar bo'lib tarkibida bir qator Alkaloidlar, Antioksidantlar, kabi kimyoviy moddalarni to'plagan dorivor o'simliklar mavjud. Butun dunyoda dorivor o'simliklarni 2 xil tasniflash qabul qilingan: 1) ta'sir qiluvchi moddalarning tarkibiga qarab, alkaloidli, glikozidli, efir moyli, vitaminli va boshqalar, 2) farmakologik ko'rsatkichlariga qarab, tinchlantiruvchi, og'riq qoldiruvchi, uxlatuvchi, yurak-tomir tizimiga ta'sir qiluvchi, markaziy nerv sistemasini qo'zg'atuvchi, qon bosimini pasaytiruvchi va boshqalar. Inson organizimiga dorilarning ta'sirchanlik quvvati hamda sifati yuqori bo'lish davri ularning gullash hamda urug'lash davrining boshlanishi vaqtiga to'g'ri keladi. Dorivor moddalar ba'zi o'simliklarning kurtagi, bargi yoki poyasida, ba'zi o'simliklarning guli yoki mevasida, ba'zilarida ildizi yoki po'stlog'ida



to'planadi. Shuning uchun o'simliklarning asosan biologik aktiv moddalari ko'p bo'lgan qismi yig'ib olinadi, yangi yig'ib olingan dorivor o'simlik mahsuloti tarkibida (yer ustki a'zolarida 85% gacha, ildizida 45% gacha) nam bo'ladi. Bu nam yo'qotilmasa (quritish yo'li bilan), o'simlik chirib, dori moddalari parchalanib, yaroqsiz bo'lib qoladi. Salomatligimiz uchun foydali bo'lgan dorilarni ishlab chiqarishda farmatsevtika sanoati uchun xomashyoning yetishmasligidan dori vositalariga bo'lgan talabni o'z vaqtida hal qilib beraolmayapti. Bu muammolarni bartaraf qilish uchun zamonaviy biotexnologiya usulidan foydalangan holda, tarkibida kimyoviy moddalarni to'plagan dorivor Boychechak (*Galanthus woronowii L.*) o'simlikni mikroklonal ko'paytirish orqali yil davomida ishlab chiqarishga yetkazib berish mumkin. Bu o'simlik *Amaryllidaceae* oilasiga mansub ko'p yillik o't hisoblanadi. O'simlik gulli tarkibida alkaloidlar, jumladan 0,1% likorin va galantamin - 0,15% tashkil qiladi. Tadqiqot obekti sifatida Boychechak (*Galanthus woronowii L.*) tanlab olindi. Tajribalar Genomika va bioinformatika markazi "Transgenomika va to'qimalar kulturasi" laboratoriyasida olib borilindi. Dastlab *Galanthus woronowii* o'simligi eksplantlarida somatik embriogenez natijasida xosil bo'lgan regenerantlar ikki hafta davomida tarkibida sitokinin va auksin saqlagan ozuqa muhitida o'stirildi va fitoregulyatorlarning turli kombinatsiya va kontsentratsiyalari ta'siri o'rganildi. O'tkazilgan tajribalar natijalariga asoslanib regenerant o'simliklar hosil bo'lishi va asosiy poya rivojlanishi uchun MS+2.5 Kin+0.5 NAA va MS+3.0 BAP+0.5 NAA kombinatsiyalari *in vitro* sharoitida yetishtirishda eng maqbul ekanligi aniqlandi.



## **APPLICATION OF EMBRYO RESCUE TECHNIQUE IN BREEDING PROGRAM OF SEEDLESS GRAPES**

Abdullaev S.A., Ubaydullaeva X.A., Abdullaev A., Bolkiev A., Babadjanova F.,  
Eshmurzaev J., Buriev Z.

Center of Genomics and bioinformatics  
sadullaabdullaevich@mail.ru

Seedless table grapes are becoming more popular with modern consumers. To set up a novel seedless grapevine, the traditional breeding program has some disadvantages because of the high heterozygosity level, recessive trait, and high level of pollen sterility of grapevine. To advance the breeding program of seedless grapes in Uzbekistan, the embryo rescue technique has been investigated to develop marketable novel seedless grape cultivars. Indigenous Kishmish Sugdiyona and Kishmish Roza grape varieties were used to introduce embryo rescue technique to the breeding program of seedless grapes in Uzbekistan. To determine the optimal DAPt (the day after pollination time) for rescuing viable embryos prior to embryo abortion, we investigate three crosses: "Kishmish Sugdiyona x Kishmish Roza", "Kishmish Sugdiyona x Belaya Roza" and "Kishmish Sugdiyona x Toyfi." It was found that, to prevent inviable embryos of grapes from degrading, 60, 65, and 70 DAPt improved the efficiency of embryo rescue in cross-combination, respectively. The medium Nitsch&Nitsch with slight modification demonstrated the highest percentage of embryo germination (50 to 68%) for three cross-combinations.

Interestingly, rudiments hardness's of grape leaves improved in this medium significantly and consequently acclimatization rate grow up to 55% compared reference mediums.

**RIZAKOM-1 VA MIKROZIM-2 BIOPREPARATLAR TASIRIDA G'O'ZA O'SIMLIGINING BARGLARIDAGI XLORAFILL MIQDORI**



Narmatov S.E., Darmanov M.M., Axmedov R.R., Bozorov I.E., Mamajonov A.B.,  
Nurmirezayev I.A., Buriev Z.T.

Genomika va bioinformatika markazi  
narmatov1993@list.ru

Bugungi kunda asosiy qishloq xo'jaligi ekini hisoblangan g'ozaga o'simligining hosildorligi va turli xil kasallik va zararkunandalarga bardoshligini taminlashda biopreparatlar, bioo'g'itlar va kimyoviy stimulyatorlar samarasini o'rganish muhim hisoblanadi.

Barg o'simlik fotosintezi jarayonida asosiy organ bo'lib, xlorofill esa kimyoviy energiyani yorug'lik energiyasiga aylantiradigan muhim pigmenti hisoblanadi. Barglardagi xlorofill miqdori va u yerda sodir bo'ladigan fotosintez miqdori o'rtasida bevosita bog'liqlik mavjud. Barg plastinkasi tomonidan so'rilgan quyosh radiatsiyasi uning xlorofill tarkibiga bog'liq va shuning uchun xlorofill tarkibi ozuqaviy o'lchov sifatida ishlatiladi.

G'ozaning Porloq-4 va Ravnaq-1 navlarida Rizakom-1 va Mikrozim-2 biopreparatlari ishlov berilgan holda g'ozaga barglarida xlorofill miqdorining nisbiy qiymatini tez o'lchash uchun *SPAD 502 Chlorophyll Fluorescence Meter* dasgoxi yordamida o'simlikning qarish holatini aniqlashda xlorofill miqdori g'ozaga bargning 2×3 mm maydonida o'lchandi. Nazorat sifatida ushbu navlarning biopreparat ishlov berilmagan namunalariidan foydalanildi.

SPAD qiymatlarni o'lchashda g'ozaga vegetatsiya davri 4 ta fazasida (shonalash, gullash, ko'sak va pishish) amalga oshirildi. Tadqiqotlar uchta takrorda amalga oshirildi.

Urug'lik chigitga biopreparatlar bilan ishlov berilgan o'simlik namunalariida SPAD qiymatlar dastlabki vegetatsiya davrlarida (shonalash, gullash va ko'saklash) nazoratga (preparat bilan ishlov berilmagan) nisbatan yuqori ko'rsatkichni namoyon etdi. Ya'ni har ikkala biopreparatlar bilan ishlov berilgan namunalarda



dastlabki uchta sanada (iyun, iyul, avgust oylari boshida) o'lchangan SPAD qiymatlari nazoratga nisbatan sezilarli darajada ( $P < 0,0001$ ) yuqori ko'rsatkich namoyon etdi. Bu esa vegetatsiya jarayonlarini erta boshlanishiga olib keldi. Aksincha, o'simliklarning vegetatsiya davri o'tgan sayin, ya'ni vegetatsiya davrining ohirida (sentabr oyining boshlari) ko'saklarni pishish davrida biopreparatlar bilan ishlov berilgan namunalarning SPAD qiymatlari nazoratga nisbatan pasayishi kuzatildi. O'simliklar barglaridagi xlorofillar miqdori bilan azot miqdori va fotosintez jarayonlari o'rtasida ijobiy korrelyatsiya mavjudligi, bu xlorofill miqdori yuqori bo'lgan o'simliklar o'sish va rivojlanish yuqori ekanligidan dalolat beradi. Aksincha xlorofillar miqdori kamayganda o'simliklarda qarish jarayonlari boshlanadi.

Biopreparatlar bilan ishlov berilgan namunalarda SPAD qiymatlari xlorofill miqdorini aniqlash bo'yicha olingan natijalardan shunday xulosaga kelish mumkinki, g'o'za o'simligi urug'lariga ishlov berilgan biopreparatlar o'simliklarda xlorofillar miqdorini ortishiga va natijada o'sish va rivojlanishni erta boshlanishiga va hosilning erta pishib yetilishiga olib keldi.

## **POMIDOR MEVASINI SAQLANISHINI UZAYTIRISHDA RNK INTERFERENSIYA TEXNOLOGIYASIDAN FOYDALANISH.**

Murodov A.A, Ayubov.M.S, Tashmuhammedova Sh.S, Mirzakhmedov M.Kh,  
Mamajonov B.O, Yusupov A.N, Obidov N.Sh, Kamalova L.X.

Center of Genomics and Bioinformatics, Uzbekistan  
murodov95anvar@gmail.com

Pomidor (*Solanum lycopersicum*) dunyodagi eng muhim sabzavot o'simliklaridan biridir. Hozirgi kunda pomidor mevasi eng ko'p istemol qilinadigan mahsulotlardan biri hisoblanadi, chunki uning tarkibi vitaminlar va antioksidantlarga





boydir. Lekin pomidor mevasi rezavor meva hisoblangani uchun o'zining mustahkamligini tez yo'qotadi va shuning uchun turli xil kasalliklarga tez chalinadi.

Genom tahrirlashning RNAi, TALEN, CRISP-Cas9, Zinc-finger kabi usullari bo'lib, biz o'z maqsadimizga erishish uchun RNAi usulini tanladik. Bunga sabab oson, qulayligi va tezligidir.

Mevalarning yetilishidagi o'zgarishlar bir necha fermentlarning hujayra devoriga kompleks ta'siri natijasidir. Biz nishon gen sifatida  $\alpha$ -mannosidase ( $\alpha$ -Man) fermenti sinteziga javobgar genni tanlab oldik. Bu ferment o'simliklarda, hayvonlarda va mikroorganizmlarda aniqlangan. Bu ferment yuqori mannozali birikmalardagi va tarkibida N-glukan bo'lgan glukoproteinlardagi oxirgi mannoza bog'ini uzadi. Bu ferment sintezining bloklanishi boshqa meva yetilishiga javobgar fermentlar: pektin metil esteraza, glukan endo1,3- $\beta$ -D-glukosidaza,  $\beta$  1,3 glukanaza, endo-ksiloglukan transferaza, pektin esteraza, pektin atsetil esteraza,  $\alpha$ -galaktosidaza, pektat liaza, (1-4)- $\beta$ -mannan endogidrolaza va  $\beta$ -galaktosidazani sintezini ham kechikishi aniqlangan. Natijada pomidor mevasini mustahkamligini ko'proq muddatga saqlanishiga erishamiz.

Biz bu  $\alpha$ -Man fermenti sintezini RNK interferensiyasi orqali bloklash uchun shu ferment sinteziga javobgar bo'lgan genni pomidor mevasidan ajratib oldik. Ushbu genni RNK interferensiyasi orqali bloklash uchun kerakli vektor konstruksiya yig'ish jarayoni tugatildi va hozirda Agrobacterium tumefaciens ning LB4404 shtami orqali o'simlikka transformatsiya qilish jarayoni olib borilmoqda.



## СРАВНИТЕЛЬНЫЕ РЕЛАКСАНТНЫЕ ДЕЙСТВИЯ ОКСАДИАЗОЛА Д-111 И ТРИАЗОЛА Д-286 НА ГЛАДКОМЫШЕЧНЫЕ КЛЕТКИ АОРТЫ

Мирзаева Ю.Т.,<sup>1</sup> Усманов П.Б.,<sup>1</sup> Исмаилова Д.С.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Институт Биофизики и биохимии при Национальном Университете

<sup>2</sup>Институт химии растительных веществ им. акад. С.Ю.Юнусова, АН РУз

Ymirzayeva@mail.ru

Целью настоящей работы были сравнительные действия оксадиазола Д-111 и триазола Д-286 на сократительную активность гладкомышечных клеток аорты крыс. Ранее нами было показано, что эти соединения обладают также релаксантным действием и расслабляют препараты аорты крысы, предварительно сокращенные фениэфрином (ФЭ) и гиперкалиевыми растворами.

Эксперименты проводили на изолированных препаратах аорты крысы в условиях перфузии физиологическим раствором Кребса–Хензелейта. Регистрацию изометрической силы проводили с помощью преобразователя силы типа FT–03 (Grass, США).

Релаксантное действие триазола Д-286 начинало проявляться уже при концентрации 5 мкМ, у оксадиазола Д-111 было менее выражено и проявлялось только при концентрации 25 мкМ. Релаксантное действие триазола Д-286 имело дозо-зависимый характер, и при увеличении концентрации триазола в диапазоне 5-35 мкМ сила сокращения препарата аорты крысы, индуцированная 1 мкМ ФЭ, снижалась до  $94,6 \pm 4,8\%$ . Величина  $EC_{50\%}$ , концентрации, при которой триазола Д-286 расслаблял препарат аорты на 50%, составляла 13,0 мкМ. В отличие от триазола Д-286, зависимость релаксантного действия оксадиазола Д-111 концентрации была менее выражена и максимальное расслабление препарата аорты до  $72,6 \pm 3,3\%$  наблюдалось при концентрации 250 мкМ, величина  $EC_{50\%}$  составляла 100 мкМ.



Результаты этих экспериментов свидетельствуют о том, что релаксантное действия данных соединений, в условиях ФЭ-индуцированной контрактуры, в основном обусловлено его влиянием на транспорт ионов  $Ca^{2+}$  через рецептор-управляемые  $Ca^{2+}$ -каналы плазмалеммы и их высвобождение из СР ГМК.

## ***PHYSALIS ALKEKENGII* ЎСИМЛИГИНИ *IN VITRO* УСУЛИДА КЎПАЙТИРИШДА МИКРОЭЛЕМЕНТЛАРНИНГ РОЛИ**

Кадилова З.А., Ташмухамедова Ш.С.

Мирзо Улуғбек номидаги Ўзбекистон Миллий Университети  
zukhra\_abrarovna7@mail.ru

Бугунги кунда замонавий биотехнологиянинг энг истиқболли ва фойдали тадқиқотларидан бири бу - биофармацевтик саноатнинг ривожланишига қаратилган тармоқ ҳисобланади. Айни шу соҳани ривожлантириш орқали дори моддаларини ўзимизда ишлаб чиқариш ҳамда чет эллардан кириб келаётган дори-дармонлар учун сарфланаётган маблағни иқтисод қилиш мумкин.

Дори моддаларининг кўплаб манбаалари мавжуд. Уларни ўсимликлардан, бактериялар, замбуруғлар, ҳайвон тўқималари ва бошқалардан ажратиб олиш мумкин. Айниқса ўсимликлар олами бундай қимматбаҳо дори моддаларига жуда бой ҳисобланади. Шундай доривор ўсимликлардан бири итузумдошлар (*Solanaceae*) оиласи вакили *Physalis alkekengi* бўлиб, бу физиологик актив алкалоидларга бой шифобахш ўсимлик тиббиётда шамоллашга қарши, антисептик, оғриқ қолдирувчи ва қон тўхтатувчи восита сифатида, шунингдек, камқонлик ва рак касалликларини даволашда ишлатилади.

*Physalis alkekengi* ўсимлиги турли витаминлар, флавоноидлар ва турли биологик фаол доривор моддаларга бой бўлиб, табиий ҳолда ушбу ўсимлик тамаки мозаикаси вируси билан касалланади. Вирус билан касалланиш ўсимликдаги физиологик жараёнларнинг ўзгаришига ва маҳсулдорликнинг



пасайишига олиб келади. Шу сабабли соғлом ўсимлик яратиш ва ундан дори моддасини ажратиб олиш ва уни катта масштабда ишлаб чиқариш учун ўсимликнинг плантацияларини ташкил этишга зарурат туғилади. Бироқ, бундай муаммонинг ечими, доривор ўсимликларни микроклонлашдир. Ушбу усулдан фойдаланиб биз йилнинг исталган вақтида, керакли миқдорда, вируссиз ўсимлик олиш ва фармацевтика, озиқ-овқат, тиббиёт саноати учун зарур бўлган декоратив ва ноёб ўсимликларни кўпайтириш, уларнинг плантацияларини яратиш мумкин.

Бундан ташқари, *Physalis* туркумининг *Physalis angulata* ва *Physalis peruviana* турлари микроклонал усулда кўпайтирилган бўлиб, *Physalis alkekengi* да бу усул илк мартаба қўлланилди. Бунда ўсимлик эксплантлари кўп компонентли озуқа муҳитида ўстирилди. Бундай муҳит таркибини ўстириладиган культуралар турига қараб ўзгартириш мумкин. Ҳар қандай озуқа муҳитининг таркибида ўсимликлар ривожланиши учун зарур бўлган микроэлементлар бўлиши шарт. Азотли бирикмалардан ташқари фосфор, олтингугурт, кальций, сульфатлар ҳам керак бўлади.

Озуқа муҳитида микроэлементлар бўлмаса, биринчи пассаждаёқ (кўчириб ўтказишда) ўсимлик тўқималарининг ўсиш интенсивлиги, 30-40% га пасаяди, кейинги пассажларда эса тўқималар нобуд бўлишига ҳам олиб келади. Алоҳида ажратиб олинган культуралар турига қараб, жуда кам миқдорда: темир, бор, рух, марганец, мис, алюминий, никель, йод ва бошқа элементлар ҳам ишлатилиши мумкин. Культуралар муваффақиятли ривожланиши учун углерод манбалари ҳам зарур, чунки яшил рангга кирувчи, ёруғликда ўсувчи тўқималар ноаутоτροφ ҳисобланади. Энг яхши карбон сув манбаи бўлиб, 2-5% ли сахароза эритмаси хизмат қилади. Шу мақсадда глюкоза ёки бошқа шакарлардан ҳам фойдаланиш мумкин.



Озуқа муҳити таркибида, шунга керакли бўлган барча элементлар бўлган ҳолда, кўпгина тўқималар *in vitro* шароитида ўстирилганда ўз ҳаёти учун керакли бўлган витаминларни ўзи синтез қилиши мумкин. Аммо кўп культуралар витаминларни жуда оз миқдорда синтез қилади, бу миқдор ўсимлик тўқималарининг нормал ривожланиши учун етарли бўлмайди. Бундай ҳолларда ташқаридан витаминлар қўшишга тўғри келади. Айниқса

$V_1$ ,  $V_2$ ,  $V_6$ , витаминлари ҳамда пантотенат кальций, биотин, аскорбин, никотин ва фолий кислоталари кўпроқ ишлатилади.

## БАКТЕРИАЛЬНЫХ РИБОНУКЛЕАЗ

Нармухаммедова М.К., Хусанов Т.С., Кадырова Г.Х.

Институт микробиологии АН РУз,  
info-microbio@academy.uz

Вирусные заболевания ежегодно вызывают значительные потери урожая сельскохозяйственных культур и заметное ухудшение их качества. Известны около 450 патогенных вирусов растений, часть из которых имеют широкий круг растений-хозяев, в то же время многие растения заражаются несколькими вирусами. Есть примеры узкой специфичности вирусов. В любом случае вирусная инфекция влияет на характеристики сельскохозяйственных культур: вызывает снижение содержания белка, уменьшение морозоустойчивости растений. Способы оздоровления растений, профилактика и борьба с вирусными заболеваниями остаются актуальными проблемами современной биологии.

Основными направлениями защиты растений от вирусных инфекций являются: реабилитация семян путем выделения и культивирования апикальной меристемы *in vitro*, создание трансгенных растений, устойчивых к вирусным инфекциям, с использованием генов специфической и неспецифической защиты,



применение препаратов для защиты растений химического и биологической природы против переносчиков вирусов, применение индукторов устойчивости растений и др. Таким образом, возникает необходимость поиска эффективных и экологически безопасных мер, способных предотвратить распространение вирусных заболеваний.

Перспективы в поиске противовирусных веществ связывают с бактериальными ферментами. Они менее токсичны, чем химические соединения, легко утилизируются растениями и разлагаются без накопления в окружающей среде вредных веществ. Получают их из биологического сырья, в то время как химические соединения являются продуктами продолжительного и трудоемкого химического синтеза. Применение ферментов стало доступным после разработки генно-инженерных методов получения штаммов-продуцентов и эффективных методов очистки.

Рибонуклеазы (РНКазы) представляет собой тип нуклеазы, которая катализирует расщепление клеточной РНК на более мелкие олигонуклеотиды и монопнуклеотиды. Известно, что РНКазы обладают мощной биологической терапевтической активностью, такой как противоопухолевое, антипролиферативное, противовирусное, иммунодепрессивное, противогрибковое, антиангиогенное и индукция апоптоза.

Для определения рибонуклеазной активности бактерий использовали бактерии *B. subtilis*, *B. cereus*, *B. licheniformis*, *B. pumilus*, *P. putida*, *P. aeruginosa*, *B. amyloliquefaciens*, *P. fluorecens*, *B. megaterium*, *P. syringae*. Для этого штаммы микроорганизмов выращивали в среде LB с добавлением дрожжевой РНК, через 48 часов на колонию заливали 5 мл 1 М HCl и выдерживали 5 минут. Вокруг бактериальной колонии в присутствии фермента наблюдали четкий ореол.



Рибонуклеазную активность бактерий рассчитывали по расстоянию от границы колонии до концевой линии.

Таким образом, рассчитывали ореол, образующийся вокруг колонии бактерий. По литературным данным диаметр образующегося ореола прямо пропорционален активности фермента, то есть чем больше диаметр ореола, тем выше активность фермента. Штаммы *Bacillus subtilis*, *Pseudomonas aeruginosa*, *P. putidaesa*, *Bacillus cereus*, *Bacillus pumilus*, *Pseudomonas fluorecens*, *Pseudomonas syringae* образовывали ореол – 30–45 мм; а штаммы *Bacillus licheniformis*, *Bacillus megaterium*, *Bacillus amyloliquefaciens* – 20-25 мм.

Как известно на сегодняшний день нет лекарственных препаратов, уничтожающих вирусы; все противовирусные средства могут только ингибировать развитие вируса. Таким образом, в будущем деградация вирусной РНК представляется очень многообещающим подходом против противовирусной инфекции.

## **ЎЗБЕКИСТОННИНГ ТУРЛИ ХУДУДЛАРИДА ТЕРМОФИЛ АКТИНОМИЦЕТЛАРНИНГ ХИЛМИ-ХИЛЛИГИНИ ЎРГАНИШ**

Юсуфжонова Н.Ф., Абдухалилов А.А., Нишонов Ш.Р.,  
Рахимбердиева Г.А., Шохиддинова М.Н., Нормуродова Қ.Т.

М.Улуғбек номидаги Ўзбекистон Миллий университети  
shoxiddinovamoxichehra@gmail.com

Мамлакатимизнинг чўлга айланган худудларида ҳароратнинг кўтарилиши (айниқса, ёз ойларида 45-55°C) ўсимликлар оламига ўз таъсирини кўрсатади. Қўрғоқлашган ва шўрланган худудларда ўсиб ривожланадиган ўсимликларнинг илдиз ризосферасида термофил актиномицетлар термостабил ферментлар синтез қилувчилар сифатида қайд этилади. Чунки, 50 °C ва ундан юқори ҳароратларда яшай оладиган актиномицетлар табиатда кенг тарқалган бўлиб, асосан тупроқ ва



Ўсимлик ризосфераларидан ажратилган. Мезофил микроорганизмларга нисбатан интенсив равишда яшай олишига кўра, юқори ҳароратда ҳам жадал ўсиши туфайли термофил актиномицетлар саноатнинг турли тармоқларида ва қишлоқ хўжалигида кенг қўлланилади.

Энг асосийси, микроорганизмлар орасида термофил актиномицетлар энг ноёб микроорганизмлардан бири бўлиб, уларнинг ферментлар ва антибиотиклар синтез қилувчи турлари ўсимликларни турли хил фитопатоген касалликлардан ҳимоя қилади ва стрессларга чидамлилиқ қобилиятларини оширади. Қолаверса, бундай ноёб актиномицетларнинг тирик культуралари ассоциациялари асосида яратилган биопрепаратлар орқали ўсимликларни ҳаддан ташқари қурғоқчилик, шўрланиш, ноқулай шароит, тупроқдаги заҳарли органик бирикмалар ва оғир металлларнинг таркиби каби абиотик стресслар ҳолатидан ҳам ҳимоя қилади.

Ўзбекистоннинг турли ҳудудларида термофил актиномицетларнинг хилми-хиллигини ўрганишдан иборат.

Мамлакатимизнинг экстремал шароитларидан бири бўлган Бухоро вилояти Гиждувон туманининг пахта даласи атрофидан 7та, Жайрон кўрикхонаси атрофидан 3та, Муйноқ тумани Орол туби ноль нуқтасидан 2та, Орол туби кемалар қабристонни қумли тупроқдан 4та, Орол туби сақсовулзор атрофидан келтирилган тупроқ намуналаридан 13та, жами 29та пигмент ҳосил қилувчи актиномицетлар ажратиб олинди. Ажратиб олинган колониялар Гаузе ва крахмал аммиакли агар озуқа муҳитларида ўстирилиб, 45°C термостатда 48 соат давомида инкубация қилинди. Олиб келинган 0-1 смдан 45-90 смгача чуқурликдаги тупроқ намуналарида ёрқин пигмент ҳосил қилувчи актиномицетлар 2тадан 5 гагача учраши аниқланди.

Шуни таъкидлаш жоизки, Орол туби сақсовулзор атрофидан келтирилган тупроқ намуналаридан ажратиб олинган 13та колониялар орасидан бир-биридан





кескин фарқ қилувчи 3та ноёб изолят ажратиб олинди ва Гаузе озуқа муҳитида ўсиб ривожланиши кузатилди.

Танлаб олинган 3та изолятни морфологик хусусиятларини кузатиш шуни кўрсатдики, уларнинг мицелийлари ингичка, ранги қорамтир жигарранг, баъзан оч кўкимтир пигмент ҳосил қилади, шаффофлиги хира ва юза қисми озгина бўртмали, 1% казеин ва 1% крахмалга мойиллиги борлиги аниқланди.

### **АЙРИМ ДОРИВОР ЎСИМЛИКЛАРНИ ЭНДОФИТ БАКТЕРИЯЛАРИНИНГ МОРФОЛОГИК ХУСУСИЯТЛАРИ ВА ФЕРМЕНТ ҲОСИЛ ҚИЛИШ ҚОБИЛИЯТЛАРИ**

Абдухалилов А.А., Юсуфжонова Н.Ф., Тожиев Б.Б.,  
Шохиддинова М.Н., Нормуродова Қ.Т.

М.Улуғбек номидаги Ўзбекистон Миллий университети, Тошкент  
shoxiddinovamoxichehra@gmail.com

Бугунги кунда, амалий микробиологиянинг интенсив ривожланиши кўплаб биологик фаол иккиламчи метаболитлар синтезловчи янги авлод эндофит микроорганизмларни ажратиб олиш, улардан қишлоқ хўжалиги ва тиббиёт соҳаларида қўллаш халқ хўжалигидаги кенг имкониятларни очмоқда. Доривор ўсимликлардан моно-ёки аралаш культуралар ассоциацияси кўринишида биологик препаратларнинг янги авлодини яратиш, фермент ҳосил қилиш қобилиятларига кўра сут оксилани парчалаб пробиотиклар олишда ва одамлардаги ошқозон ичак микрофлорасининг хусусиятларини яхшилашда ҳам фойдаланиш мумкин.

Доривор ўсимликлардан ажратиб олинган изолятларнинг фермент ҳосил қилиш қобилиятларини скринингидан иборат.

Ўзбекистонда дала ва уй шароитларида ўсаоладиган айрим доривор ўсимликларнинг илдиз, поя ва барглари юза қисми дистилланган сувда



ювилиб, кейин 96% спиртда стерилизацияланиб, ички тўқималари майдаланди, ҳосил бўлган суюқлик қисми тадқиқот учун 45та изолятлар ажратилди ва уларнинг фермент ҳосил қилиш қобилиятлари ўрганилди.

Мамлакатимизнинг дала ва уй шароитларида учрайдиган баъзи бир доривор ўсимликлардан эндофит бактерия изолятларини ажратиб олиш учун, фармокопоя рўйхатига киритилган зубтурум, далачой, мойчечак, сачратқи, каланхое, лимонўт, ялпиз каби доривор ўсимликларни илдизи, пояси ва барглари ички тўқималаридан 45та бактерия изолятлари ажратиб олинди.

Ажратиб олинган айрим эндофит бактерия изолятларининг 1%ли казеин ва 1%ли крахмалга нисбатан мойиллик даражалари ва гидролиз зоналари, ранги, шаффофлиги, колонияларнинг чеккаси ва юза қисмлари каби параметрлари ўрганилди.

Ушбу изолятлар орасида *Kalanchoe degremona*нинг баргидан ажратиб олинган KD - L7 изолятининг гидролиз зона ўлчами 6-10 мм, ранги тиниқ сутранг, чеккаси текис, шаффофлиги тиниқ, юза қисми зич ва ялтироқ эканлиги, 1%ли казеинга юқори, 1%ли амилазага нисбатан мойиллик даражаси нисбатан камроқ эканлиги кузатилди.

Доривор ўсимликлардан бири Лимонўтининг баргидан ажратиб олинган MoL - L5 изолятининг гидролиз зона ўлчами 5-8 мм, ранги жигарранг, чеккаси текис, шаффофлиги хирароқ, юза қисми бўртиб чиққан эканлиги кузатилган бўлса, *Мойчечак (Matricaria recutita L.)* ўсимлигининг илдизидан ажратиб олинган MrL - R2 изолятининг гидролиз зона ўлчами 4-7 ммни, ранги тиниқ сутранг, ғадир-будир, шаффоф, ялтироқ бўртиб чиққанлигини кўрсатди.

Саноатда сут оқсиллини парчаловчи протеолитик ферментларга бўлган талаб ортиб бормоқда. Каланхое дегремона ўсимлигидан ажратиб олинган KD - L7 эндофит бактерия изолятининг фермент ҳосил қилиш қобилиятига кўра,  $\alpha$ -



амилаза фаоллиги 14,2 бир./млн ташкил қилган бўлса, протеаза фаоллиғни эса 28,6 бир./млн кўрсатди.

Скрининг натижасида танлаб олинган *KD - L7* изоляти MALDI TOF масс-спектрометрия усули ёрдамида идентификация қилинди. Тадқиқ қилинаётган *KD - L7* изоляти *Bacillus amyloliquefaciens* эканлиги аниқланди.

Шундай қилиб, дала ва уй шароитларида учрайдиган зубтурум, далачой, мойчечак, сачратқи, каланхое, лимонўт, ялпиз каби доривор ўсимликларни орасида каланхое дегремона ва сачратқиларда эндофит бактерияларнинг нисбатан кўпроқ учраши кузатилди. *Kalanchoe degremona* доривор ўсимлигининг баргидан ажратиб олинган *KD - L7* изоляти бошқа изолятларга қараганда 1% казеин ва 1%ли крахмалга нисбатан мойиллик даражаси ҳамда гидролиз зонаси катта эканлиги, қолаверса протеаза фермент фаоллиги ҳам нисбатан юқорилигини кўрсатди.

## **MIKROORGANIZMLAR TO'PLAMIDA UZOQ MUDDATDA SAQLANAYOTGAN CANDIDA AVLODIGA MANSUB ACHITQILARNING MORFOLOGIK-KUL'TURAL XUSUSIYATLARINI O'RGANISH**

Nizomova D.K., Juraeva R.N.

Mikrobiologiya instituti,  
info-microbio@academy.uz

Hozirgi kunda biotexnologik jihatdan mikroorganizmlarning faol va yuqori produsentga ega shtammlarni uzoq vaqt davomida o'z xususiyatlarini yo'qotmasdan saqlab turishi sanoatda va ishlab chiqarish uchun muhim omil hisoblanadi. Ma'lumki, achitqilardan aminokislotalar, vitaminlar, organik kislotalar, antibiotiklar, gormonlar va turli xil biologik faol moddalar olinadi. Shu sababli, to'plamlarda yuqori produsentga ega shtammlar doimiy ravishda faol, hayotchan va barqaror bo'lishi shart. So'ngi yillarda to'plamlarda mikroorganizm kul'turalarini saqlashning quyidagi



usullari keng tarqalgan – bu davriy qayta ekish, mineral moyi ostida va liofil qurutilgan usulda saqlash, shunindek, kriogen saqlash, adsorbentlarda saqlash, spora shaklida saqlash, distillangan suv yoki fiziologik eritmalarda saqlash usullari mavjud. Achitqi turlarining biologik xususiyatlarida farqi tufayli, turli xil achitqi kul'turalari uchun bir xil umumiy saqlash usulini qo'llash mumkin emas. Shu sababli, mikroorganizmlar to'plam fondining xavfsizligini oshirish uchun uzoq muddatli saqlash usullarini izlash, saqlash usullari kul'turalarning hayotchanligi, biokimyoviy xususiyatlari va fiziologik darajasini saqlanib turishiga ta'sirini o'rganish muxim ahamiyatga ega.

O'zR FA Mikrobiologiya instituti mikroorganizmlar to'plamida O'rta Osiyoda etishtiriladigan mevali va rezavor o'simliklardan ajratib olingan 150 dan ortiq achitqi shtammlari davriy qayta ekish, mineral moyi ostida va liofil qurutilgan usulda saqlanadi.

Adabiyotlarda keltirilishicha, achitqilarning turli sistematik guruhlarida orasida xalq xo'jaligida *Candida* muxim ahamiyatga ega bo'lib, qishloq xo'jaligida faol shtammlar asosida oqsilga boy ozuqa maxsulotlarini tayyorlanishi, aminokislotalar, shakar o'rnini bosuvchi ksilitol va boshqa biologik faol birikmalar olish mumkinligi keltirilgan. Shu sababli, to'plamda uzoq muddatda mineral moyi ostida saqlanayotgan *Candida* avlodiga mansub achitqi shtammlarining hayotchanligi va fiziologik faolligini aniqlash muxim hisoblanadi.

Tadqiqotlar davomida 5-10 yil davomida 4°C haroratda mineral moyi ostida saqlanayotgan quyidagi shtammlarda tajribalar olib borildi: *Candida tropicalis* 81, *Candida tropicalis* 83, *Candida mycoderma* 85, *Candida mycoderma* 87, *Candida mycoderma* 89, *Candida krusei* 99, *Candida melinii* 94.

Olingan natijalarga ko'ra o'rganilayotgan achitqi shtammlari o'z hayotchanligini saqlab qolganligi, morfologik va kul'tural xususiyatlari o'zgarmaganligi aniqlandi. Mineral moyi ostida uzoq muddatli saqlashdan so'ng, hujayralarning shakli va hajmini



tiklash uchun 2-3 marta qayta ekishni amalga oshirish kerak, shundan so'ng shtammlar o'zlarining morfologik va kul'tural xususiyatlarini to'liq tiklaydi.

Bundan tashqari, *Candida tropicalis* 83, *Candida mycoderma* 87, *Candida mycoderma* 89 achitqi shtammlari eng yuqori o'sish sur'ati va biomassaning maksimal to'planishi bilan o'rganildi, *Candida tropicalis* 83 shtammi 4 soat ichida hujayra titri  $6 \times 10^5$  KOE/ml, *Candida melinii* 94 va *Candida krusei* 99 mos ravishda  $6 \times 10^7$ ,  $9 \times 10^7$  KOE/ml ga yetganligi kuzatildi.

Biz o'rganayotgan *Candida* avlodiga mansub mahalliy shtammlari NaCl va glyukoza miqdori yuqori bo'lgan ozuqa muhitlarida yaxshi o'sishi bo'yicha ma'lumotlar keltirilgan. Shu sababli, keyingi tajribalarimizda mahalliy shtammlarni 5% va 10% NaCl ozuqa muhitlarida o'sishi kuzatildi. *Candida mycoderma* 89 va *Candida melinii* 94 shtammlaridan tashqari barcha shtammlar 5-10% NaCl ozuqa muxitida yaxshi o'sdi. *Candida mycoderma* 89 va *Candida melinii* 94 shtammlari 5% NaCl da sust o'sishi, 10% NaCl ozuqa muhitida umuman o'sishdan to'xtagani aniqlandi. Shunday qilib, mineral moyi ostida uzoq muddatli saqlash, o'rganilayotgan achitqi shtammlarining morfologik, kul'tural va biokimyoviy xususiyatlarini saqlab qolishga ta'sir qilmasligi aniqlandi. Ushbu achitqi shtammlari 5-10 yil davomida mineral moyi ostida saqlanganda hujayra titri  $10^5 - 10^7$  KOE/ml qayd etildi.

## **G'O'ZADA QO'SHGAPLOIDLAR OLIHNING YANGI USULINI ISHLAB CHIQISH**

Mirzakhmedov M.Kh., Shermatov Sh.E., Ubaydullaeva H.A., Ayubov M.S.,  
Usmonov D.E., Buriev Z.T., Abdurakhmonov I.Y

O'zR FA, Genomika va bioinformatika markazi  
mirzakhmedov.m@gmail.com

Qo'shgaploidlar yoki ikkilangan gaploidlar (doubled haploid) fundamental hamda amaliy tadqiqotlarda keng qo'llaniladigan samarali vositaga aylandi.



qo'shgaploidlarning afzalliklaridan, ikki avlodda to'liq gomozigotali liniyalar olish bo'lib, ananaviy usulda olti-sakkiz avlod kerak bo'ladi shunda ham 99% gomozigotali liniyalarni olish mumkin. Seleksion kompaniyalar bu usuldan asosan gibrid urug' yetishtirish maqsadida ishlatiladigan sof gomozigota liniyalarni ishlab chiqarishda foydalanilsa, fundamental tadqiqotlarda esa genetik xaritalash uchun populatsiyalar yaratishda ishlatiladi. Shu kungacha gaploid liniyalar olishning turli usullari ishlab chiqildi, bular umumiy tarzda ikkiga bo'linadi: *in vivo* (tabiiy sharoitda) va *in vitro* (laboratoriya sharoitida). gaploid liniya olishning *in vitro* usuli changchi yoki urug'chidan foydalanishiga qarab ikkiga bo'linsa, *in vitro* usuli esa turlararo yoki tur ichidagi chatishtirishdan foydalanishiga qarab ikkiga bo'linadi. O'simliklardan gaploid liniya olishda eng ko'p o'zlashtirilgani changchilardan laboratoriya sharoitida o'simlik olish hisoblanadi. Ammo har bir o'simlik turidan gaploid liniya olish o'ziga xos bo'lib, ba'zilarida xususan makkajo'xorida tabiiy sharoitda tur ichidagi liniya bilan chatishtirish keng qo'llanilsa, arpa o'simligida changchilardan olish bilan bir qatorda turlararo chatishtirish ham keng qo'llaniladi. Bir urug'pallali o'simliklarga solishtirganda qo'shgaploid fenomeni ikki urug'pallalilarda xususan, O'zbekistonning asosiy iqtisodiy ekini hisoblangan go'zada juda oz o'rganilgan. Hozirda Genomika va bioinformatika markazida genom tahrirlash usullari orqali go'zada qo'shgaploid liniyalar olish ustida tajribalar o'tkazilyapti.

## **EURHORBIA FERGANENSIS ЎСИМЛИГИДАН ПОЛИФЕНОЛЛАР ЙИГИНДИСИ АЖРАТИБ ОЛИШНИНГ МАҚБУЛ ШАРОИТИ**

<sup>1</sup>Янгибоев Я. З, <sup>2</sup>Рахимов Р.Н.

<sup>1</sup>Тошкент давлат техника университети биотехнология кафедраси ассистенти.

<sup>2</sup>Биоорганик кимё институти ката илмий ходим

Ўсимликларнинг кимёвий таркибини ҳар томонлама чуқур ўрганиш мақсадида уларни алоҳида компонентларга ажратиш, тузилишини физик-



кимёвий таҳлил қилиш, биологик фаолликларини аниқлаш ва улар асосида кенг таъсир кўрсатиш доирасига эга бўлган самарали дори воситаларини яратиш ҳозирги кундаги долзарб вазифалардан биридир.

*Euphorbiaceae* (Сутламадошлар) оиласининг *Euphorbia* 2000 тур ўсимликдан иборат катта туркумни ташкил этади. Хитой ва Индонезия анъанавий табobatiда антидиаретик, антидиуретик, балғам кўчирувчи, астма, бронхит ва турли тери касалликларини даволашда дамлама кўринишида, Филиппин ва Малайзияда геморройда, яра касалликларида, суяк синганида оғриқ қолдирувчи сифатида боғлов кўринишида кенг қўлланилади. Кўп йиллар давомида ушбу оила турлари биологик фаол бирикмалар, жумладан, алкалоидлар, антрахинонлар, кумаринлар, терпеноидлар ва полифенолларнинг бой манбаи сифатида бутун дунё олимлари томонидан катта қизиқиш билан ўрганиб келинмоқда. Айниқса, *Euphorbiaceae* оиласи ўсимликларининг флавонол ва таннинлари бирмунча чуқурроқ ўрганилган бўлиб, ўсимликлардан кверцетин, кемпферол, мирицетин, рамнетин, изорамнетин ва уларнинг гликозидлари, мономер, димер ва олигомер гидролизланувчи таннинларнинг бир қанча вакиллари ажратиб олинган ҳамда уларнинг биологик фаолликлари тадқиқ этилган.

*Euphorbiaceae* оиласига кирувчи *Euphorbia ferganensis* ўсимлиги Ўзбекистоннинг турли вилоятлари: Тошкент, Қашқадарё, Сурхондарё ва Фарғона водийсининг яйлов минтақасидан тортиб, токи тоғ минтақасигача бўлган ҳудудларида учрайди.

*Euphorbia. ferganensis* ўсимлиги хом ашёсидан қуйи ҳароратда, кам вақт сарфлаб, юқори унум ва сифатга эга бўлган полифеноллар йиғиндиси ажратиб олишнинг мақбул усули излаб топилди. Ўсимлик хом ашёсидан табиий бирикмаларнинг ажралиб чиқиши, яъни экстрактив моддалар унуми кўп



жиҳатдан экстракциялаш жараёнига боғлиқ. Экстракциялаш жараёнига таъсир кўрсатувчи омиллар сифатида қуйидагилар танланди: экстракция модули (хом ашё ва экстрагент ўртасидаги нисбат); экстракциялаш такрорийлиги; экстрагент таркиби; экстракция қилиш ҳарорати, хом ашёнинг майдаланганлик даражаси (1-жадвал).

### 1-жадвал

#### Полифенолларни экстракциялаш жараёнига таъсир этувчи омиллар кўрсаткичи

Омиллар	Бирлиги	Ўрганилган омиллари даражаси	Мақбул шароит
Майдаланганлик даражаси	мм	0,5-1; 1-3; 3-5; 5-7; 8-10	3-5
Экстрагент таркиби (этил спирт)	%	40,50, 60, 70	40
Ҳарорат	°С	25, 35, 45, 55, 65	45
Экстракция такрорийлиги		1, 2, 3, 4, 5	3
Экстракция вақти	соат	1, 2, 3, 4, 5	3
Экстракция модули		1:2, 1:4, 1:6, 1:8, 1:10	1:6

Жадвалда келтирилган натижалар асосида ўрганилган ўсимликдан полифеноллар йиғиндисини ажратиб олишнинг мақбул усули сифатида ўсимликнинг майдаланганлик даражаси 3-5 мм, экстракция ҳарорати 45<sup>0</sup>С ҳароратда, 3 соат давомида, 1:6 нисбатда, 40% этил спиртда, 3 мартаба такрорийликда экстракция қилиб, юқори унум ва сифатга эга бўлган полифеноллар йиғиндиси ажратиб олинди. Қуйи ва юқори ҳароратларда полифеноллар тўлиқ ажралиб чиқмаслиги аниқланди.

Ўсимлик хом ашёсидан 250 данг 4 та наъмуна олиб, Этанол сув аралашмасида (8-10 мм майдаланганлик даражаси), (1:6 нисбатда, v/v) 45<sup>0</sup>С да, 3 соат давомида, қайтарма совуткичли сув ҳаммомида 3 мартаба такрорийликда, экстракция қилинди. Экстрактларни филтрлаб, Этил спиртни вакуум остида, 50-55<sup>0</sup>С да ҳайдаб сувли қисм ажратиб олинди. Сувли қисмни этилацетат билан (1:4





нисбатда, v/v) экстракция қилиб, этилацетатли фракция ажратиб олинди. Ушбу фракция сувсиз Na<sub>2</sub>SO<sub>4</sub> тузи ёрдамида қуритилди ва филтрланди ҳамда роторли буғлаткич ёрдамида ҳайдаб, этилацетатли концентрат ажратиб олинди. Концентратни 1:4 нисбатда хлороформ билан чўктириб, ўсимликнинг курук массасига нисбатан 2 % миқдорида полифеноллар йиғиндиси ажратиб олинди.

## **МАҲАЛЛИЙ САРА УЗУМ НАВЛАРИНИ *IN VITRO* УСУЛИДА МИКРОКЛОНЛИ КЎПАЙТИРИШ**

Дарманов М.М., Убайдуллаева Х.А., Абдуллаев А.Н., Болқиев А.А.

Геномика ва биоинформатика маркази  
muxtordarmanov@gmail.com

Дунё бўйича қишлоқ хўжалик экинлари орасида, хусусан мевалар орасида узум (ток) олдинги ўринлардан бирини эгаллайди. Узумнинг юқори ҳосилдор, касаллик ва зараркунадаларга чидамли навларга бўлган эҳтиёж ўсиб бораётганлиги сабабли биотехнологик усуллардан фойдаланиб, навлар генофондини бойитиш, улардан селекцияда самарали фойдаланиш ва кўчатчилик учун илмий асосланган технологияларни яратиш долзарб ҳисобланади.

Узум етиштиришни кўпайтириш нафақат майдонларни кенгайтириш, балки истиқболли навларни жадал кўпайтириш ва ток плантациялари ҳосилдорлигини оширишни таъминлайдиган технологияларни ишлаб чиқиш ва такомиллаштиришни ҳам талаб этади. Ҳозирги кунда дунёнинг кўпгина мамлакатларида узумнинг юқори сифатли экиш материални ишлаб чиқаришнинг интенсив усуллари жорий этиш катта аҳамият берилмоқда.

*In vitro* усули ёрдамида генетик хилма-хиллигини сақлаган ва кўпайтиришнинг максимал коэффиценти – йилига 10<sup>5</sup>-10<sup>6</sup> мериклон бўлган узум кўчатларини олиш ва кўпайтириш имкониятини беради. Ток ўсимлигини *in*



*in vitro* усулида микроклонли кўпайтириш юқори сифатли, соғлом ток ўсимликларини олиш ва сақлаш учун муҳим биотехнологик воситадир.

Тадқиқотлар учун узумнинг (*Vitis vinifera.*) Ризамат, Тойфи, Кишмиш оқ дум, Келин бармоқ, Хусайни, Кишмиш Ботир, Кишмиш суғдиёна, Ркацители ва Рислинг каби маҳаллий навлари танлаб олинди.

Тадқиқотда *in vitro* шароитида кўпайтириш учун MS (Мурасиге ва Скуг), MS<sub>так</sub> (Мурасиге ва Скуга такомиллашган) DKW (Драйвер ва Куниюки) ва WPM (Woody Plant Medium) каби бир нечта озуқалар танлаб олинди ва улар таҳлили амалга оширилди. Ўтказилган таҳлил ва хулосаларга асосланиб узум эксплантларини *in vitro* шароитида кўпайтириш учун MS ва WPM озуқа мухитлари танлаб олинди ва тажрибалар олиб борилди.

MS озуқа мухитида етиштирилган узумнинг Тойфи, Ризамат ва Оқ дум-кишмиш навларида куртаклар ҳосил бўлиш даражаси БАП нинг турли концентрацияларида назоратга нисбатан сезиларли даражада ортганлиги кузатилди. Аммо фитогармонлар концентрацияси 0.4 мг/Л дан ортиб борганда куртаклар сони ва узунлиги камайиб борди. Куртаклар сони тажриба навларининг барчасида назоратга нисбатан ўртача 2.0-3.0 марта ортиқ эканлиги кузатилди.

WPM озуқа мухитида етиштирилган тажриба навларининг барчасида куртаклар сони ва узунлиги MS озуқа мухитида етиштирилган эксплантларга нисбатан паст кўрсаткичларни намоён қилди. WPM озуқа мухитида етиштирилган эксплантларнинг энг юқори куртаклар сони тажрибанинг учинчи вариантида (0.4 мг/Л) кузатилди. Куртакларнинг ўртача сони Тойфи нави эксплантларида 3.5 тани, Ризамат нави эксплантларида 4.1 тани ва Оқдум-кишмиш нави эксплантларида эса 3.3 тани ташкил қилиб, назоратга нисбатан 2.0-3.0 марта кўп эканлиги аниқланди.



Ток (*Vitis vinifera*) нинг микроклонларини *in vivo* (ностерил) шароитига мослаштириш (адаптация), соғлом ва иқлимлаштирилган босқич бўлиб, айнан шу босқич *in vitro* технологиясида кўчат етиштириш самарадорлигини белгилайди. Тажрибада биогумус+вермикулит+кокос қипиғи (2:1:1) нисбатдаги субстрат, назорат тупроқ+қум (1:1) вариантыга нисбатан ғоваклик ва намлик даражаси юқорилиги ва натижада тупроқ аэрациясини яхшилаши ҳисобига иқлимлашган кўчатлар сони ортишига эришилди.

Тадқиқот натижасида Сурхондарё вилояти, Олтинсой туманида *in vitro* шароитида олинган, вируслардан ҳоли бўлган узумнинг бошланғич оналик ўсимлик боғлари ташкил этилди. Ушбу ташкил этилган *in vitro* узум оналик боғларида келгусида узум плантацияларини кенгайтириш ва янгилаш учун узум кўчатлари кўпайтирилади.

## **ГЕНОМИКА ВА БИОИНФОРМАТИКА МАРКАЗИДА ЯРАТИЛГАН ҒЎЗА НАВЛАРИГА НИСБАТАН ВИЛТ КАСАЛЛИГИНИ ҚЎЗГАТУВЧИ ЗАМБУРУҒЛАРНИНГ ПАТОГЕНЛИГИ**

Зупарова Д.М., Аблазова М.М., Раджапов Ф.С., Салахутдинов И.Б.,  
Буриев З.Т.

Ўз Р ФА Геномика ва биоинформатика маркази.  
Тошкент Давлат аграр университети  
d.zuparova@mail.ru

Ғўзанинг трахемикоз касалликлари орасида энг кўп тарқалган қўзгатувчилари *Fusarium oxysporum f. vasinfectum* бўлган фузариоз ва *Verticillium dahliae* бўлган вертициллёз инфекцияси сўлиш ёки вилт касалликлар ҳисобланади. Бу касалликлар ғўзага катта зарар келтириб, ҳосилнинг сезиларли қисмини йўқолишига сабабчи бўлади.



Вўзада вилт касаллигини кўзғатувчи юқорида келтирилган патоген замбуруғ турларининг ҳаётий циклини бир қисми ўсимликда қолгани эса зарарланган ўсимлик қолдиқларида, тупроқда ўтиши маълум. Бу касаллик кўзғатувчи замбуруғлар ўзани илдиз тизими орқали унинг ичига кириб боради ва ўтказувчи тўқима найларини вегетатив таналари бўлган мицелийлари билан тўлдириб, токсин ажратади, натижада ўсимлик сўлийди.

Вўзада фузариоз вилт касаллигини кўзғатувчи замбуруғнинг штамmlарини патогенлик хусусиятларини ўрганиш бўйича тажрибаларни ўтказиш мақсадида Бухоро вилоятининг Бухоро тумани ҳудудидаги “Яшил диёр”, Пешку туманидаги “Мансур бобо” фермер хўжаликларининг ўза экилган далаларидан келтирилган касал ўсимлик намуналаридан ажратилган *F.oxysporum f.vasinfectum* соф ҳолда 15 та штамmlаридан ҳамда Ўзбекистоннинг пахта етиштирадиган бир қатор фермер хўжаликлари далаларидан ажратилган *V.dahliae* замбуруғининг штамmlаридан фойдаланилди. Бу штамmlарнинг патогенлиги ЎзРФА Геномика ва биоинформатика марказидаги ўза навларига нисбатан синаб кўрилди.

Тажрибаларни амалга оширишда энг аввал вилт касаллигини кўзғатувчи замбуруғларнинг штамmlари лаборатория шароитида инфекцион фон ҳосил қилиш учун сули донида кўпайтириб олинди. Бунинг учун аввалдан қайнатиб олинган сули 200 г дан қилиб тортилиб, 500 мл ҳажмли колбаларга солинди ва оғзини тиқин билан маҳкам беркитиб стериллаш учун автоклавка жойлаштирилди. Сўнгра сули солинган колбалар 1 атм босимда 121°C ҳароратда бир соат давомида стерилланди. Автоклавдан олинган сули солинган колбалар 25°C ҳароратгача совитилди ва уларга ўзанинги вилт касаллигини кўзғатувчи замбуруғ штамmlари ламинар боксда экилди. Патогенлар экилган колбалар замбуруғларни ўсиши учун энг қулай бўлган 24-26°C ҳарорат 70-75% намлик ҳосил қилинган шароитда 10 кун давомида термостатда ўстирилди. Колбалардаги



сулилар замбуруғлар билан тўлиқ қоплангандан сўнг уларни инфекция фон ҳосил қилиш учун тупроққа солишда ишлатилди.

Инфекцион фон ҳосил қилиш учун 1 кг тупроқ солинган тувакларнинг ҳар бирига 50 г дан қилиб сулида ўстирилган патоген замбуруғ инфекцияси солинди ва туваклар замбуруғ инфекциясини ўсиши ва тарқалиши учун 24-26°C ҳароратда 7 сутка давомида ушлаб турилди. Сўнгра тувакларга синаш учун олинган ғўза навларининг чигитлари экилди. Ғўзада вилт касаллигининг биринчи белгиларини намоён бўлиши ғўза чигити униб чиққандан бошлаб назорат сифатида олинган “108-Ф” ғўза навининг баргларида касалликнинг биринчи аломатлари кузатилди ва аксинча R-4 ҳамда R-1 ғўза линияларда бундай белгилар қайд этилмади ва улар фитопатогенга нисбатан чидамлилики намоён қилдилар.

Ғўзада касаллик қўзғатувчи патогенларни расаларини аниқлаш мақсадида замбуруғлар геномидан ДНК ажратилди ҳамда ПЗР ва секвенс таҳлилини амалга ошириш учун бошлангич материал сифатида танлаб олинди.

### **ОПРЕДЕЛЕНИЕ УРОВНЯ ПАТОГЕННОСТИ ИЗОЛЯТОВ *FUSARIUM SOLANI* И РАЗРАБОТКА МЕТОДОВ ИДЕНТИФИКАЦИИ**

Раджапов Ф.С., Маматкулова Г.Ф., Зупарова Д.М., Усмонов Д.Э., Хуршут Э.Э.,  
Базаров Д.К., Салахутдинов И.Б.

Центр геномики и биоинформатики АН РУз.  
f.radjarov@yahoo.com

*Fusarium solani* (Mart.), возбудитель, вызывающий корневую гниль хлопчатника, является одним из наиболее распространенных почвенных грибов, способных уничтожить до сотни растений. *F. solani* считается долгоживущим почвенным фитопатогеном и способен образовывать большие колонии в присутствии восприимчивого хозяина. Симптомы болезни включают гниение



семян в почве до и после появления всходов, гниение всходов и задержку роста, а также созревания растения.

В Узбекистане степень потерь хлопка от *F. solani* в некоторых регионах очень высока. Например, в период 2012-2013 гг. в Бухарской области были отмечены растения, сильно пораженные корневой гнилью, возбудителем которой обычно является *F. solani*. Несколько изолятов, которые были получены нами из растений на зараженных полях, которые после микологического анализа были идентифицированы как *F. solani*. Каким образом может обстоять ситуация в других регионах неясна, в связи с чем этот аспект требует дальнейшего изучения.

В нашем Центре проведены эксперименты по изучению влияния *F. solani* по отношению к средневолокнистому хлопчатнику и выявлению агрессивных изолятов *F. solani*, с целью оценки их потенциала в нанесении больших потерь широко культивируемым сортам хлопчатника. В результате нами выявлены три изолята *F. solani*, которые в условиях фитотрона проявили высокую патогенность по отношению к нескольким локальным сортам хлопчатника. Наши исследования показали, что *F. solani* может быть опасен для средневолокнистого хлопчатника, который выращивается в нашей стране, что при планировании севооборота и других агротехнических мероприятий необходимо обратить внимание на этот вид фитопатогена, а не только на типичный патоген *F. oxysporum* f. sp. *vasinfectum* вызывающий вилт хлопчатника.

Эти исследования также имеют актуальное значение, по причине того, что традиционные методы борьбы с фитопатогенами, как биологические, так и химические, не всегда эффективны и ресурсоемки. Однако полученные данные позволяют их использование в области молекулярной биологии. Так, например, с появлением полных последовательностей геномов различных видов *Fusarium* позволяет нам провести сравнительный анализ патогенов на геномном уровне.



Это позволит проводить мониторинг посевных площадей и точную идентификация как *F. solani*, в частности, так и других фитопатогенов рода *Fusarium* в целом на новом уровне. В настоящий момент начаты работы по сравнительному анализу геномных последовательностей различных видов *Fusarium*.

Кроме того, данные о взаимодействии между *F. solani* и хлопчатника на уровне "патоген-хозяин", позволяет выявлять не только агрессивные изоляты патогена, но и выявлять чувствительные и устойчивые сорта, что может быть в дальнейшем успешно реализовано при создании новых устойчивых сортов, с использованием методов молекулярной биологии и генной инженерии.

### **RNAI TEXNOLOGIYASINI QO'LLAB G'O'ZANING VILT (*Verticillum dahliae*) GA CHIDAMLILIGINI OSHIRISH.**

Bozorov I.E., Darmanov M.M., Norov T.M., Ayubov M.S., Narmatov S.E.,  
Nurmirezayev I.A., Mamajonov A.B., Kucharov I.A., Buriev Z.T.,

Genomika va bioinformatika markazi  
muhammadayyubegamberdiyev21@gmail.com

G'o'za qishloq xo'jaligining asosiy ekini bo'lib, tola, ozuqa, oziq-ovqat, neft va bioyoqilg'i mahsulotlarining muhim manbai hisoblanadi. Molekulyar seleksiya va genetik muhandislik yo'li bilan g'o'zaning qimmatli xo'jalik belgilarga ega barqaror yangi navlari yaratilishiga qaramay, xavfli fitopotogen (zamburug', bakteriya va virus)lar bilan kasallanish ko'rsatkichi yildan yilga ortib bormoqda. Hozirgi kunda ko'plab qishloq xo'jalik ekin(g'o'za)lariga katta xavf tug'dirayotgan fitopatogenlardan biri *Verticillum dahlia*dir. Vertitsillium vilti (VW), Verticillium turiga mansub tuproqdagi zamburug'lar keltirib chiqaradigan xavfli kasallik bo'lib, o'simliklarning barg, poya va ildiz organidagi o'tkazuvchi sistemasiga ta'sir qiladi va butun dunyo bo'ylab qishloq xo'jaligi uchun jiddiy va katta iqtisodiy yo'qotishlarga sabab



bo'lmoqda. Fitopatogen zamburug'lar o'simlikning ildizidagi kortikal hujayralarga kiradi. Keyin u ildiz po'stlog'i bo'ylab tarqaladi va ksilema naylariga kirib boradi, u erda o'tkazuvchi to'qimaning funktsional buzilishiga sabab bo'luvchi konidiya hosil qiladi. Natijada patogenning sporalari va mitseliysi o'simlikning o'tkazuvchi sistemasini to'sib qo'yadi. Shuningdek patogenlar tomonidan ishlab chiqarilgan toksinlar va kislotali glikoproteinlar o'simlikning tez so'lishiga olib keladigan muhim patogen omillardan biridir. Bundan tashqari *Verticillium vilti* ta'siri natijasida o'simlikning tashqi ko'rinishida ham bir qancha o'zgarish (hosilni sarg'ayishi, so'lishi va tushishi) sodir bo'ladi. Ushbu kasallik oxir-oqibat o'simliklarni o'limiga olib kelishi mumkin. Vilt kasalligi g'o'zaning chidamlilik genetikasi, seleksiya va o'simliklar patologiyasi bo'yicha tadqiqotlarning asosiy predmetiga aylanib bormoqda. *Verticillium viltiga* sabab bo'luvchi *V. dahliae* fitopatogeni natijasida paxtaning tola sifati va yillik hosildorligi pasaymoqda. Buning natijasida ushbu kasallik tufayli hosildorlik 30% ga qisqarishi kuzatilmoqda. Xitoyda 200 million gektardan ortiq paxta maydoni *verticillium vilti* bilan kasallanadi va iqtisodiy yo'qotish har yili katta bo'ladi. Zamburug' tuproqda uzoq vaqt davomida hatto xo'jayin organizmsiz ham yashashi mumkin, bu esa *Verticillium dahliae* ni amaliy kimyoviy davolash usullaridan foydalangan holda nazorat qilish imkonini bermaydi. Shuningdek, *Verticillium viltiga* qarshi kurashish uchun g'o'za o'simliklarida fitopatogenga nisbatan chidamlilikni oshirish va an'anaviy (erga ishlov berish, tuproqni o'zgartirish va biologik nazorat) boshqarish usullaridan foydalanish bo'yicha uzoq muddatli urinishlarga qaramay, so'nggi 20 yil davomida vilt bilan zararlanish doimiy bo'lib qolmoqda. *Verticillium dahliae* ko'payishini oldini olishning eng samarali usuli bo'lgan tuproqni fumigatsiya qilish qimmatga tushadi va inson salomatligi va atrof-muhitga halokatli ta'sir ko'rsatishi mumkin. Hozirda g'o'zaning to'liq genom ketma-ketligi mavjudligini hisobga olib, gen funksiyalarini keng ko'lamlı genom darajasida tahlil qilish uchun molekulyar





vositalar va resurslarni ishlab chiqish muhimdir. *Verticillium* vilti bilan kurashish uchun molekulyar mexanizmni aniqlash va genetik seleksiya tajribalarini o'tkazish zarurati dolzarbdir. Hozirgi kunda o'simliklarni fitopatogenlardan himoya qilishda RNK interferensiya texnologiyasi rivojlanib bormoqda. Eukariot organizmlarda axborot RNKlarni ingibirlash orqali genlar faolyatini boshqarish muhim biologik jarayon bo'lib, u turli biologik jarayonlarda hal qiluvchi rol o'ynaydi, shu jumladan endogen gen ekspressiyasini tartibga solishda, genom barqarorligi, transpozonlarni o'zlashtirishda, geteroxromatin hosil bo'lishi va viruslardan himoya qilishda katta ahamiyatga ega. Genomika va bioinformatika markazi olimlari tomonidan *Verticillium* vilti kasalligi tufayli g'o'zaning hosildorligining yo'qotilishini kamaytirish maqsadida *Verticillum dahliae* ga chidamli navlarni yaratish imkonini beruvchi RNK interferensiya usulini qo'lladi. Shunday qilib, RNK interferentsiyasi texnologiyasidan foydalangan holda olingan biotexnologik g'o'za o'simliklari *Verticillum dahliae* bilan zararlanganda zamburug'dagi zarur genlar faolyatini ingibir qilish orqali chidamlilik xususiyatini namoyon etishi mumkin.

### **G'O'ZA TUNLAMI (*HELICOVERPA ARMIGERA*) GA QARSHI KURASHISHDA MAQSADLI VA FUNKSIYANAL GENLARDAN FOYDALANISH**

Erkaboeva D.O, Usmonov D.E, Bo'riyev Z.T

O'z RFA Genomika va bioinformatika markazi, e-mail:  
dilraboerkaboeva@gmail.com

Mamlakatimizning va g'o'za yetishtiruvchi ko'plab yirik davlatlarning diqqat markazidagi asosiy muamalardan biri, g'o'zaning turli abiotik va biotik omillarga chidamli, hosildor va tola sifati yuqori bo'lgan yangi navlarni yaratishdir. Texnik o'simlik - paxta daromadli o'simlig bo'lishi bilan bir qatorda chorva uchun ham toyimli ozuqa manbai hisoblanadi. Mamlakatimizning 1440,8 mln gektar yer maydonlarida



paxta yetishtiriladi. Bu yer maydaonlaridan olinadigan hosilning ko'p qismi biotik omillar sababli yo'qotiladi. Bu esa hosilning sifat va miqdor ko'rsatkichlariga sezilarli ta'sir ko'rsatmoqda.

So'ngi yillardagi statistika tahlillarga qaraganda zararkunanda hashoratlar bilan kasallanishi keng miqyosda avj olmoqda. Shu o'rinda, mamlaktimizda keng tarqalgan zararkunanda hashorat - g'o'za tunlami (*Helicoverpa armigera*) bilan zararlangan maydonlar soni yildan yilga ortib bormoqda. So'ngi o'n yil ichida O'zbekistonda sabzavot maydonlarida mazkur tunlamning zarari o'rtacha 15-20% ni ba'zi yillari esa 50-60% ni tashkil etadi.

Zamonaviy texnologiyalarning rivojlanishi natijasida gen muhandisligi sohasida sezilarli darajada yutuqlarga erishilmoqda. Funktsional genomikani tadbiq qilish va zararkunanda hashoratlarga kurashishda RNKi interferensiya texnologiyasi asosida ham ko'plab tatqiqotlar olib borilmoqda. Ushbu texnologiya asosida g'o'za tunlami *HMGR* (3-gidroksi-3-metilglutaril koenzim A reduktaza), *HaHR3* (*Helicoverpa armigera* *HR3*), *CYP6AE14* (*Cytochrome P-450*) genlari agrobakteriya orqali o'simlikka transfarmatsiyasi amalga oshirilib, transgen o'simliklar olingan. Ushbu transgen g'o'za barglarini istemol qilgan ko'sak qurtlari lichinkalarining soni va o'sish tezligini sezilarli darajada pasayganligi aniqlangan. Transgen o'simlik to'qimlari bilan oziqlangan hashoratlar tekshirilganda, ularda *vitellogenin* (*Vg*, emrion rivojlanishi uchun muhim oziqlanish manbai) genining ekspressiyasi 76,86% ga kamayganligi malum bo'lgan. Ishlab chiqilgan transgen o'simlik nafaqat vazn ortishiga to'sqinlik qiladi, balki ko'sak qurti lichinkalarni o'sishini ham kechiktiradi.

Biz yuqoridagi keltirilgan ma'lumotlar asosida g'o'za tunlami (*Helicoverpa armigera*) hashoratiga chidamli navlarni genetik vektorlar asosida olishga qaror qildik. Bu borada dunyo olimlari tomonidan olib borilgan tadqiqotlar bilan tanishish va aniqlangan genlarni bioinformatik taxlil qilish ishlari olib borilmoqda.



## ОСОБЕННОСТИ ПОЛУЧЕНИЯ ВТОРИЧНЫХ МЕТАБОЛИТОВ В КАЛЛУСНЫХ КУЛЬТУР *FERULA TADSHIKORUM* PIMENOV В КУЛЬТУРЕ *IN VITRO*

Жамалова Д.Н., Мустафина Ф.У.

Институт Ботаники Академии Наук Республики Узбекистан  
dilafruz.bel.91@mail.ru

Получены стабильно растущие каллусные культуры *Ferula tadshikorum*. Подобраны и оптимизированы среды для культивирования различных типов эксплантов. Проведен биохимический анализ образцов на содержание фенольных соединений и флавоноидов для разных популяций.

Культуры клеток, тканей и органов растений являются все более востребованными альтернативными источниками ценных вторичных метаболитов. Растительные клетки тотипотентны, т. е. в них экспрессируется вся генетическая информация, и, следовательно, любое вещество, находящееся в интактном растении, можно получить, культивируя клетки данного растения. За последнее десятилетие в этой области достигнуты значительные успехи. В Институте ботаники Академии наук Республики Узбекистан проводятся диссертационная работа по теме: «Биология *F. tadshikorum* Pimenov и *F. sumbul* (Kauffm.) Hook. f. в условиях *in vitro*» в рамках проекта А-ФА-2021-146 «Создание технологии организации и размножения лекарственных растений методом *in vitro*». Цель настоящей работы – получение каллусной культуры *F. tadshikorum* корневого происхождения и характеристика ее продукционного потенциала в отношении вторичных метаболитов фенольной природы.

*Ferula* L. - включает около 200 видов цветковых растений семейства *Ariaceae* Lindl. в мире, многие из этих видов являются лекарственными, питательными, кормовыми, медовыми, эфирно-масляными и смолистыми



растениями. В Средней Азии насчитывается 114 видов, а в Узбекистане - около 60, из которых 5 являются эндемиками (Амооаghаie, 2006, рахмонов, мирович, хамраева, tojibayev 2020.).

В целях оптимизации состава питательной среды для полученной каллусной ткани корневого происхождения в первой серии экспериментов протестировано 27 комбинаций синтетических ауксинов (2,4-Д, 1-нафтилуксусная кислота (НУК)) и цитокининов (кинетин, 6-бензиламинопурин (БАП)) в среде МС, включающей 30 г/л сахарозы. Среда Мурасиге и Скуга (МС) с 2 мг/л НУК и 0,5 мг/л Кин; 0,5 мг/л 2,4-Д и 0,5 мг/л Кин; 2,0 мг/л 2,4-Д и 1,0 мг/л Кин; 1,0 мг/л НУК и 2,0 мг/л БАП составляла наиболее эффективен (90%) для пролиферации каллуса у корневых эксплантов. В результате проращивания простерилизованных семян получали асептические проростки, которые в 2-недельном возрасте использовали в качестве источника корневых эксплантов. Появление первых признаков каллусогенеза на отрезках изолированных корней наблюдалось в среднем через 10–15 суток после их переноса на агаризованные среды МС, включающие фитогормоны. Наиболее активное образование первичной каллусной ткани *Ferula tadshikorum* корневого происхождения происходило на варианте питательной среды, который включал 0,5 мг/л 2,4-Д и мг/л кинетина. В результате культивирования каллусов на средах с разными концентрациями 2,4-Д и кинетина суммарное содержание ФС, а также содержание ФЛ изменялись в узких пределах. Наиболее высоким содержанием ФС характеризовались каллусы, выращенные в присутствии 0,5 мг/л 2,4-Д и 0,5 мг/л кинетина.

Однако для промышленного использования растительных клеток с целью получения биологически активных веществ необходимо решить ряд проблем, одной из которых является низкое их внутриклеточное содержание.



## **ОПРЕДЕЛЕНИЕ ЭНДОГЕННОЙ САЛИЦИЛОВОЙ КИСЛОТЫ В ЛИСТЯХ БИОТЕХНОЛОГИЧЕСКИХ ГЕНОТИПОВ ХЛОПЧАТНИКА ПРИ ИСКУССТВЕННО СОЗДАНЫМ УСЛОВИЯМ ЗАСОЛЕНИЯ**

Рахматова Н.Р., Имамходжаева А.С., Буриев З.Т.

Центр Геномики и биоинформатики АН РУз  
rakhmatova\_nodira@mail.ru

Продуктивность сельскохозяйственных культур снижается из-за воздействия различных абиотических стрессов. Поэтому сведение к минимуму этих потерь является актуальной задачей для ученых, создающих новые сорта растений. Холод, засоление и засуха относятся к основным стрессам, отрицательно влияющим на рост и продуктивность растений. Поэтому огромное значение имеет создание и выращивание устойчивых к стрессу сельскохозяйственных культур.

Засоление — глобальная проблема, возрастающая с каждым годом из-за бесконтрольных мер и неправильного управления земельными ресурсами. Известно, что засоление оказывают вредное воздействие, главным образом, нарушая ионный и осмотический баланс клетки. Это мешает нормальному физиологическому функционированию и приводит к торможению всех жизненных процессов, а отсюда и к снижению урожая, ухудшению показателей выхода волокна (для хлопчатника) и качества семян.

Эффекты засоления более очевидны на ранних стадиях роста хлопчатника, что сказывается и на урожае. В связи с этим актуально выявление степени отзывчивости проростков биотехнологического генотипа хлопчатника Eskimo1, созданного сотрудниками Центра геномики и биоинформатики АН РУз.

Цель наших исследований состояла в том, чтобы проанализировать биохимические ответные реакции проростков хлопчатника линии Eskimo1



(*Gossypium hirsutum* L.) анализом профиля эндогенной салициловой кислоты (SA) при выращивании семян в грунте в ходе полива растений растворами NaCl в различных концентраций, приводящих к засолению грунта.

Материалом исследования служила линия хлопчатника Eskimo1 (ESK1), родительский генотип Coker 312 (C-312) (*Gossypium hirsutum* L.)

Результаты многих исследований показали, что при анализе устойчивости большинства растений к засолению SA является ключевыми вторичными мессенджерами.

При эксперименте в лабораторных условиях линии ESK1 и C-312, высаженные в песчаную почву, подвергали стрессу через полив растворами NaCl концентрации 100 мМ, 150 мМ, 200 мМ в течение 25 дней.

**Таблица**

Содержание SA в листьях проростков биотехнологических линий хлопчатника при воздействии растворов NaCl

№	Образцы	Содержание SA в сухой ткани, mg/ml		
		(100 mM)	(150 mM)	(200 mM)
1	Eskimo1	13,3±0,4	16,9±0,3	18,1±0,3
2	Coker-312	8,9±0,4	10,8±0,3	11,2±0,4

В ходе исследования выявлено, что у биотехнологических линий ESK1, изменения SA при лабораторных условиях засоления отражают устойчивость к стрессу, созданному повышенному содержанию соли в поливном растворе, (таблица).

Отсюда следует, что биотехнологическая линия может привлекаться в процессы создания устойчивого селекционного материала, способного противостоять устойчивым к экологическим изменениям.



## **SUT ACHITUVCHI BAKTERIYALARNING KARIOGEN PATOGEN *S.MUTANSGA* NISBATAN BAKTERIOTSINOGEN FAOLLIĞI.**

G'ulomov J.I., Reyimberganova Z.A., Abdunabiyev A.M., Raxmatullayev A.I.,  
Ermatova H.Y., Sohbnazarova X.A.

1.Oliy ta'lim, fan va innovatsiyalar vazirligi huzuridagi Ilg'or texnologiyalar markazi O'zbekiston.  
info@cat-science.uz

Jahon sog'liqni saqlash tashkilotining 2022-yilgi ma'lumotiga ko'ra dunyo aholisini yarmi (3.5 milliard) og'iz bo'shlig'i kasalliklaridan aziyat chekadi. So'nggi yillarda yosh bolalarda kariyesning rivojlanish ko'rsatkichi oshib bormoqda. Kariyes yuqumli bo'lmagan va davolash mumkin bo'lgan kasallik bo'lishiga qaramasdan, kasallik jarayoni uzoq muddat va katta mablag' talab qiladi. Kelib chiqishiga ko'ra kariyes ko'p faktorli kasallik bo'lib ammo kasallikni rivojlanishida bakteriyalar muvozanatining buzilishi ko'proq sabab bo'ladi. Streptokokklar (*S.mutans*, *S.sobrinus*), Aktinomitsetlar va Candida avlodiga mansub mikroorganizmlar kariyesni rivojlanishida juda katta rol o'ynaydi. Olimlarning fikriga ko'ra yosh bolalarda ona sutidan erta chiqarib yuborilishi yoki ona suti bilan oziqlantirmaslik og'iz mikroflorasining sog'lom rivojlanmasligiga va erta kariyesning rivojlanishi sabablaridan biri bo'lishi mumkin ekanligi takidlanmoqda.

Kariyesda dominant bo'lgan *S.mutansga* qarshi kurashda og'iz bo'shlig'i bilan bevosita yoki bilvosita aloqada bo'lgan bakteriyalarning disbioz ta'sirini o'rganish ahamiyatlidir. Mazkur tadqiqotda ona sutidan ajratib olingan sut achituvchi bakteriyalarning bakteriotsinlarini *S.mutansga* nisbatan bakteriotsinogen faolligi aniqlandi.

To'plangan namunalar klassik mikrobiologik usuli asosida agarli Man Rogosa Sharpe ozuqa muhitida izolyatlar ajratib olindi va MALDI TOF23da identifikatsiya



qilindi. Bakteriyalarning antimikrob faolligi agardagi dog‘ usulidan foydalanib aniqlandi.

Tadqiqot natijasida ona suti namunalaridan 34 ta izolyatlar ajratib olindi. Ajratilgan namunalar identifikatsiyasi natijalariga ko‘ra 9 ta avlodga mansub 13 tur mikroorganizmlar klassifikatsiyalandi. Bular 38.2 % *Staphylococcus*, 17.6 % *Lactobacillus*, 14.7 % *Streptococcus*, va *Leuconostoc*, *Enterococcus*, *Rothia*, *Kokuria*, *Enterobacter*, *Candida* avlodiga oid mikroorganizmlar aniqlandi.

Identifikatsiya qilib, tur darajasi aniqlangan sut achituvchi bakteriyalarning *S.mutansga* nisbatan bakteriotsinogen faolligi o‘rganildi. Lekin ular orasida sut achituvchi bakteriyalardan *L.rhamnosus* tomonidan ajratilgan bakteriotsin faolligi boshqa bakteriyalarga nisbatan yuqoriroq ekanligi aniqlandi. *Leuconostoc* avlodiga mansub *L.mesenteroides* turi *S.mutansga* nisbatan  $7\pm 0.5$  mm ni, *Lactobacillus* avlodiga kiruvchi *L.fermentum*  $6\pm 0.7$  mm, hamda *L.rhamnosus* esa  $10\pm 0.5$  mm faollik zonasini hosil qildi.

Olingan natijalarga ko‘ra *L.rhamnosus*, *L.fermentum*, *L.mesenteroides* va ulardan ajratilgan oqsil tabiatli bakteriotsinlar kariyesda dominant bo‘lgan *S.mutansga* nisbatan qarshi kurashishda va oldini olishda muqobil variant bo‘lib xizmat qilishi mumkinligi aniqlandi.

## МЕТАБОЛОМИЧЕСКОЕ ПРОФИЛИРОВАНИЕ СВЯЗАННЫХ С ВОЗРАСТОМ МЕТАБОЛИТОВ У НАСЕЛЕНИЯ УЗБЕКИСТАНА

Нурматова С.Б., Курмаева Д.Н., Далимова Д.А.

Центр передовых технологий, Ташкент, Узбекистан  
saida89nur@mail.ru

Метаболом представляет собой функциональные конечные точки сложной сети биологических событий, включая геномные, эпигеномные, транскриптомные, протеомные факторы и факторы окружающей среды.





Известно, что самым большим фактором риска наиболее распространенных заболеваний в развитых странах является возраст. Лучшее понимание того, как метаболом меняется с возрастом, могло бы дополнительно выявить механизмы, с помощью которых возраст влияет на риск заболевания, и могло бы облегчить идентификацию метаболомных профилей высокого риска, которые указывают на ранние стадии конкретных заболеваний.

В последнее десятилетие наблюдается растущий интерес к метаболомическим исследованиям с использованием спектроскопии ядерного магнитного резонанса и масс-спектрометрии. Помимо генетических детерминант, на метаболом влияют факторы окружающей среды, которые могут быть очень динамичными в разных популяциях. Дополнительные исследования в разных популяциях могут выявить общие метаболиты, связанные с возрастом, независимо от происхождения образца, и уникальные изменения метаболитов, специфичные для популяции.

Целью данного исследования является выявление и изучение связи метаболитов с возрастом людей проживающих в Узбекистане.

Для проведения данного исследования было собрано 266 образцов периферической крови людей без хронических и наследственных заболеваний возраста от 18 до 80 лет ( $M=41,3\pm 15,4$ ). Добровольцы были сформированы в 3 возрастные группы: 18-30 лет ( $n=76$ ), 31-54 лет ( $n=77$ ), 55 лет и старше ( $n=113$ ). Для определения метаболитов в плазме крови использовали реактивы приобретенные с Sigma-Aldrich (Søborg, Дания). Из данных реактивов был приготовлен фосфатный буфер для проведения анализа метаболитов. Метаболиты плазмы крови определяли с помощью  $^1\text{H}$  ЯМР-спектроскопии. Сбор и обработку данных спектра ЯМР проводили с использованием TOPSPIN 3.5 PL6



(Bruker BioSpin, Райнштеттен, Германия). Статистические различия метаболитов между возрастными группами проводили с помощью Н-теста Краскела-Уоллиса.

В результате проведения  $^1\text{H}$  ЯМР-спектроскопии было выявлено 27 метаболитов в плазме крови. Концентрация метаболитов в крови по средним значениям различалась между возрастными группами. В результате было выявлено, что из 27 метаболитов, 17 (63%) не имели существенных различий между группами, в то время как, 10 (37%) метаболитов статистически значимо различались между группами. Было выявлено, что средние значения концентраций лейцина ( $p=0,04$ ), аланина ( $p=0,04$ ), ацетата ( $p=0,0007$ ), гликопротеина (ацетилы) ( $p=0,02$ ), пировиноградной кислоты ( $p=0,004$ ), глутамина ( $p=0,03$ ), креатинина ( $p=0,03$ ), пролина ( $p=0,04$ ), глюкозы ( $p=0,01$ ) и формиата ( $p=0,0005$ ) были выше в группе людей старше 55 лет по сравнению с другими возрастными группами. В различных исследованиях неоднократно было показано, что триптофан, гистидин или серин имеют более высокие концентрации в моче и/или крови у молодых людей, тогда как цитрат, креатин, глицин, глутамат были описаны выше у пожилых людей.

Таким образом, изменение метаболитов у людей разных возрастных групп, проживающих в Узбекистане может быть использовано в качестве показателя для мониторинга предрасположенности к риску развития возрастных расстройств. Необходимы дальнейшие исследования с участием большего количества образцов, чтобы подтвердить надежность результатов настоящего исследования.



## АЛИМЕНТАР СЕМИЗ ҲАЙВОНЛАРДА ОКСИДЛАНИШ СТРЕСС ҲОЛАТИ ВА УНИ ЎСИМЛИК АНТИОКСИДАНТЛАРИ БИЛАН КОРРЕКЦИЯЛАШ

Иргашева С.У., Ибрагимова Э.А., Артикбаева Г.М, Саатов Т.С.

Ўзбекистон Миллий университети хузуридаги Биофизика ва биокимё институти  
T.Saatov@yandex.ru

Оксидланиш стресси (ОС) углеводлар, уларнинг оқсиллар, липидлар билан ҳосил қилган комплексларининг оксидланиши натижасида ҳосил бўлган эркин радикаллар миқдорининг ортиши натижасида келиб чикувчи кўплаб касалликларда кузатилади ва АОХТ ферментлари томонидан бошқарилади. Организмнинг про- ва антиоксидант тизими мувозанатининг бузилиши ҳақида ЛПО иккиламчи маҳсулоти ҳисобланган малон диальдегид (МДА) миқдори ва антиоксидант ҳимоя тизими ферменти – каталаза фаоллигига кўра баҳоланган.

МДА миқдорини тадқиқ қилиш натижаларига кўра семизлиги бўлган ҳайвонлар қони МДА миқдори  $4,04 \pm 0,1$  мкМ/л ни, назорат гуруҳи ҳайвонларида эса у  $1,7 \pm 0,08$  мкМ/л ни ташкил қилган. ЛПО нинг маҳсулотларини тадқиқ қилиш алиментар семизлиги бўлган ҳайвонларда МДА миқдорининг назоратга нисбатан 2,4 марта ошганлигини кўрсатди. Семизлиги бўлган модел ҳайвонлар жигар ва скелет мускулида МДА миқдори назоратга нисбатан мос равишда 3 ва 2 марта ошган.

Шундай қилиб, экспериментал ҳайвонларни узоқ вақт давомида юқори калорияли парҳезда сақлаш ва жисмоний ҳаракатининг чекланиши тана вазнининг ортиши алиментар семизлик ва инсулинрезистентликка олиб келди. Бу экспериментал тадқиқот давомида ва инсулин юборилгандан сўнг ҳайвонлар периферик қондаги глюкоза миқдорини мониторинг қилиш билан тасдиқланди. Қонда каталаза фаоллигини ўрганиш назорат гуруҳи ҳайвонларида фермент фаоллиги  $27,56 \pm 1,37$  мккат/л, семизликда эса  $15,68 \pm 1,2$  мккат/л ни ташкил қилди,



яъни назоратга нисбатан 1,75 маротаба камайди. Олинган натижаларга кўра семиз ҳайвонлар организмида антиоксидант ҳимоя тизими ферменти – каталаза фаоллигининг пасайиши билан ЛПО жараёнлари кучаяди, бу эса организмда оксидланиш стрессини интенсивлигининг ортганлигидан далолат беради.

Маълумотларга кўра 2 тур қандли диабетга чалинган беморлар углевод алмашинуви компенсацияси даражасига қарамай кўшимча антиоксидант терапияга муҳтож бўладилар.

Шунга кўра, гипергликемияни адекват расолашда оксидланиш стресси интенсивлигини пасайтирувчи ўсимлик антиоксидантларини излаш қандли диабетни даволашда муҳим аҳамиятга эга. Адабиётлардан маълумки, экспериментал диабет моделида  $\beta$ -ҳужайраларга стимулловчи таъсир кўрсатувчи полифенолларга бой сафлор гуллари экстракти таъсирини тадқиқ қилишга оид қатор тадқиқотлар ўтказдик.

Назорат сифатида машҳур ўсимлик антиоксиданти кверцетин ҳамда клиник амалиётда қўлланилувчи перорал гипогликемик препарат гликлазид хизмат қилди. Бу препаратларнинг антиоксидант таъсирни намоён қилишини баҳолашда адреналинни аутооксидланишини кверцетин 35,7%, сафлор ўсимлиги эса 33,3% ингибирланшини кўрсатди. Гликлазиднинг антиоксидант фаоллиги кверцетин ва сафлор экстрактига нисбатан 3 марта пастлигини кўрсатди. Олинган натижалардан, сафлор гуллари экстракти кверцетин билан бир хил чегараларда антиоксидант фаолликни намоён қилганлигини кўрсатган.

Сафлор гул экстрактини антиоксидант таъсири натижасида токсик маҳсулотларнинг камайиши, антиоксидант тизимнинг фаолланиши ва экстракт таркибидаги антиоксидантларнинг эркин радикаллар билан тўғридан-тўғри таъсирлашиши натижасида паст токсик моддалар ҳосил бўлади. Шунингдек,



антиоксидант тизимнинг фаолланиши орқали оксидланиш стрессини пасайишига сабаб бўлиб, охир оқибатда гипергликемияни расолашга олиб келади.

## **PRODUCTION OF PROTEASE ENZYME PRODUCED BY A NOVEL THERMOPHILIC BACTERIUM ISOLATED FROM A HOT SPRING OF OLTINSOY VILLAGE, NAVOIY REGION, UZBEKISTAN**

<sup>1</sup>Shodiev N.N., <sup>1</sup>Abdusamatov S.A., <sup>2</sup>Kondrasheva K.V., <sup>2</sup>Davranov K.D.

<sup>1</sup>National University of Uzbekistan named after Mirzo Ulugbek

<sup>2</sup>Institute of Microbiology, AS of Uzbekistan  
nozimbek.shodiyev@bk.ru

Extracellular proteases are naturally produced by microorganisms mainly to degrade large polypeptides in the medium into peptides and amino acids before cellular uptake. Novel groups of microorganisms found living under extreme conditions such as thermophilic hot springs and volcanic and geothermal regions have been found to have unique features of considerable industrial and scientific interests. Thermophilic bacteria have become an attractive source of thermostable industrial enzymes for many reasons. Thermostable enzymes show a higher degree of resistance to protein denaturants e.g., detergents, extreme pH, and organic solvents when compared to analogous mesophilic enzymes.

In this research, we carried out analyzing the quantity of protease enzyme by four thermophilic bacteria strains (57S, 57W, 60S, 63W) in optimal time, and the dependence of production of the enzyme on time.

Thermophilic bacteria strains were incubated at 60 °C, for 36 hours. According to the results, more protease enzyme was produced by 63W and 57W bacteria strains (fig.1).



№	Thermophilic bacteria strains	Quantity of protease enzyme (unit/ml)	The total quantity of protein (µg/ml)
1	57 S	5.5	72.08
2	57 W	6.4	93.06
3	60 S	4.4	65.29
4	63 W	6.5	93.92

Figure 1. Quantities of protease enzyme and total protein quantity at 60 °C, for 36 hours.

In the next research, we found out changes in the quantity of protease enzymes depending on time. According to the results, 57S, 57W, 60S, 63W bacteria strains produced 3.5, 5.5, 3, and 5.8 U/ml respectively after 24 hours. The highest quantity of protease enzyme was recorded after 36 and 48 hours. However, the quantity of protease enzyme was decreased after 60 hours because of bacteria growth phases.

### **ANOR (*PUNICA GRANATUM* L.) TO'QIMALARI KULTURASI VA BIOTEXNOLOGIYASI**

Bolkiev A.A., Abdullaev S.A., Babadjanova F.I., Eshmurzaev J.B., Abdullaev A.N., Ubaydullaeva X.A.

Genomika va bioinformatika markazi  
abduvakhidbalkiev@mail.ru

Anor (*Punica granatum* L.) tabiiy holda Eron va Hindiston shimolidagi Himoloy tog'larida o'sadigan o'simlik bo'lib, Qadim zamonlardan beri Osiyoning O'rta yer dengizi va Kavkaz mintaqasida yetishtirilgan va tabiiylashtirilgan. O'simlik har xil tuproq va iqlim sharoitlariga yaxshi moslashadi va qurg'oqchilikka chidamli. Anor asosan jinsiz (vegetativ) ko'payadi, chunki anorda jinsiy ko'payish ma'lum darajada cheklangan. Bugungi kunda dunyo olimlari tomonidan *in vitro* sharoitida anorni mikroklonli ko'paytirish, somatik embriogenez, sintetik urug'lar yetishtirish, kallus regeneratsiyasi (kallusogenez), kurtaklar organogenezi, adventiv kurtaklar regeneratsiyasi (proliferatsiya), chang kulturasi, tetraploid induksiyasi va genetik



transformatsiya usullarini optimallashtirish bilan bo'liq ilg'or biotexnologiyadan to'liq foydalanmoqdalar (Naik va Chand 2011).

*O'simlik hujayralari kulturasi. In vitro* sharoitida ko'paytirish hosilni yaxshilash, bir xil o'simliklarni ishlab chiqarish va o'zgaruvchanlikni keltirib chiqarishga yo'naltirilishi mumkin. O'simliklar bir nechta eksplantlar (barg bo'laklari, gul (sepal, petal), changchi, meristema, hujayra, protoplast) dan ko'paytirilishi mumkin. *Ozuqa muhiti*. Ozuqa muhitining tarkibi o'simlik to'qimalarining o'sishi va morfogenezi tartibga soladigan eng muhim omillardan biridir. Ozuqa muhiti qattiq va suyuq holatlarda bo'lib, odatda noorganik tuzlar, bir nechta organik moddalar, vitaminlar va o'simlik gormonlarini o'z ichiga oladi. Murashige & Skoog (MS) ozuqa muhiti Woody Plant Medium (WPM) ozuqa muhiti bilan solishtirganda anor eksplantlari o'sishi va rivojlanishi uchun eng yaxshi ozuqa muhiti ekanligi aniqlangan (Patil va boshq., 2011).

*Eksplant*. Yosh to'qimalar eksplantlarining kallusogenezi hamda kallusning organogenez qobiliyatiga ega bo'lish ehtimoli ancha yuqori. Anorda kotiledon eksplantlaridan olingan kallus eng yuqori regeneratsiya darajasiga (81.97 %) ega ekanligi va har bir eksplantda o'rtacha 16.47 dona kurtaklar proliferatsiyasi kuzatilgan (Deepika va Kanwar., 2010). Aksenik anor ko'chatlardan olingan kotiledon eksplantlarining *in vitro* sharoitida regeneratsiyasi to'liq bayonnomasi ishlab chiqdigan (Naik va boshq., 2000).

*Kurtak (apikal, lateral) meristemasi kulturasi*. Anorning etuk G - 137 (Singh va boshq., 2011), Ganesh (Naik va boshq., 1999), Bhagwa (Patil va boshq., 2011) kabi navlarining apikal va lateral kurtak meristemalaridan foydalanib, *in vitro* sharoitida ko'paytirish usulini ishlab chiqilgan.

*Orgonogenez*. Odatda, auksinning yuqori konsentratsiyasi va sitokinining past konsentratsiyasi kallus shakllanishi bilan hujayralar ko'payishini amalga oshiradi. Boshqa tomondan, muhitda past auksin va yuqori sitokin konsentratsiyasi kurtaklar



morfogenezini shuningdek auksinning o'zi yoki sitokinining juda past konsentratsiyasining birgalikdagi ta'siri esa ildiz rizogenezi induksiyasini keltirib chiqaradi (Murashige & Skoog., 1957). Anorda barg, poya, chang, sepal, ildiz va meva perikarplari kabi turli xil eksplantlar ishlatilgan (Omura va boshq., 1987, Jaidka va Mehra., 1986, Moriguchi va boshq., 1987). Ammo gulning petal qismidan kallus induksiyasi va uning tabaqalanishi haqida hech qanday ma'lumot yo'q.

*Somatik embriogenez.* Anorning somatik embriogenezi NKC (MSB, 4ppm Kin va 15% kokos suvi) ozuqa muhitida yetishtirilgan kalluslarda kuzatildi. Kalluslar tarkibida NAA (2 ppm)+BAP (2 ppm) mavjud MSB ozuqa muhitiga o'tkazilganda embrionga o'xshash tuzilmalar hosil bo'lgan. Keyinchalik, bu hujayralar globulyar, oval, yurak shaklidagi tartibsiz tuzilmalardan tashkil topgan ko'p hujayrali tanalarni hosil qilgan (Jaidka va Mehara., 1986). Bundan tashqari anorning kotiledon to'qimalaridan (Bhansali., 1990) va anorning *in vitro* sharoitida yetishtirilgan var. Ganesh navi ildiz to'qimalaridan hosil bo'lgan somatik embrionlardan o'simliklar shakillangan (Sharon va boshq., 2011).

*Fenollar eksudatsiyasi.* Anor o'simligi yuqori fenolik tarkibga ega bo'lganligi sababli *in vitro* sharoitida yetishtirishda ayrim muammoga sabab bo'ladi. Bu muammolarni bartaraf etishda adsorbentlar, antioksidantlar, parafin, faol ko'mir, polivinilpirolidon va eksplantlarni 24 soatlik interval bilan uch marta subkulturalash kabi amaliy usullar amalga oshirilgan (Broome va Zimmerman., 1978, Murkute va boshq., 2003, Singh va boshq., 2011, Desai va boshq., 2018).

Bugungi kunda anor o'simligini *in vitro* sharoitida yetishtirish bilan bo'liq tadqiqotlar, o'rganilgan adabiyotlar tahlillariga asoslanib, Genomika va bioinformatika markazi, "Transgenomika va to'qimalar kulturasi" laboratoriyasida maxalliy anor navlarini *in vitro* sharoitida yetishtirishda maxsus ozuqa muhiti, regeneratsiya xususiyatiga ega eksplant turi va ularning kallusogenezi, somatik embriogenezi,





organogenezi, kurtak morfogenezi, ildiz rizogenezi, fenollar eksudatsiyasini nazorat qilish hamda regenerant o'simliklar akklimatizatsiyasi kabi barcha usul va uslublar ishlab chiqildi va dastlabki olingan natijalar xalqaro darajada e'lon qilindi.

## **BIOMAHSULOT OLIISH UCHUN STEVIYA O'SIMLIGINI *IN VITRO* TADQIQ ETISH**

Raxmanov B.K., Bolkiev A.A., Eshmurzaev J.B., Abdullaev A.N.,  
Ubaydullaeva H.A., Abdurahmanova G., Buriev Z.T.

Genomika va bioinformatika markazi  
bakhtiyor.rakhmanov@gmail.com

*Stevia rebaudiana* dorivorlik xususiyatli va oziq-ovqat sanoatida keng qo'llaniluvchi tabiiy shirinlik ta'mini beruvchi o'simlik hisoblanadi. Ushbu noyob xususiyati tufayli steviya ayrim mamlakatlarda muhim ekin turi sifatida yetishtiriladi. Steviya barglarida kaloriyasiz va kariogen bo'lmagan steviol glikozidlari mavjud. Steviya o'simligidagi bu steviol glikozidlari asosiy ta'm beruvchi bo'lib, tabiiy shakar o'rnini bosuvchi saxaroza va glyukozadan 400 baravar kuchliroqdir. Stevia tarkibidagi asosiy steviol glikozid birikmalari steviosid (6-12%) va rebaudiozid A (1-4%) hisoblanadi. Bu borada olib borayotgan tadqiqotimizdan maqsad, steviya o'simliklarni *in vitro* mikroko'paytirishni optimallashtirish, yangi o'simliklardan sifatli biomahsulotlar olish, ularning steviozid birikmalari tarkibini tahlil qilishdan iboratdir. Aseptik sharoitda yetishtirilgan *Stevia rebaudiana* namunalarida steviozid miqdorini aniqlash uchun yuqori samarali suyuqlik xromatografiyasi (HPLC) usuli yordamida dastlabki tahlillar o'tkazildi. Tahlillar umumqabul qilingan standart va optimallashtirilgan qo'llanma asosida olib borildi. Shunday qilib, tahlillar quyidagi sharoitlarda o'tkazildi: Poroshell 120 EC-C18 2,7 mkm ustun (4,6x100 mm, Agilent, AQSh), mobil faza - 30% suvli asetonitril, unga 0,05% fosfor kislotasi qo'shildi, oqim tezligi 0,5 ml / min, aniqlash - UV210 nm. Tadqiqotimizning dastlabki natijalari shuni



ko'rsatdiki, in vitro namunalarimizda steviozid kontsentratsiyasi tuproqda o'stirilgan turli genotiplarga qaraganda yuqori (mg / g quruq barglar, 89,2; 8,9%) ekanligi aniqlandi.



## СОДЕРЖАНИЕ

I. ГЕНОМИКА, ПРОТЕОМИКА И БИОИНФОРМАТИКА.....	8
Abdurakhmanov J., Sasmakov S., Khasanov Sh., et al. Expression of recombinant purine nucleoside phosphorylase in the <i>Pichia pastoris</i> .....	8
Ayubov M.S., Buriev Z.T., Yusupov A.N., et al. Секвенирование ампликонов SARS-COV-2 геномов от узбекских пациентов выявило новые мутации.....	10
Yakubov I.T., Verdiyeva L.O. Экспрессия генов компонентов теломеразного комплекса крысы.....	11
Ayubov M.S., Mamajonov B.O., et al. Orolning qurigan tubida biotexnologik g'o'za liniyalarini yetishtirish va ularning muhim agronomik belgilarini baholash.....	13
Shermatov Sh. E., Usmonov D.E., Mirzahmedov M.H., et al. Аннотация кандидатных локусов, связанных с синтезом суберина в хлопчатнике ( <i>G. hirsutum</i> ).....	15
Norbekov J.K., Kushanov A.N., Xusenov N.N., et al. Буғдойнинг генетик хилма-хиллигини молекуляр маркерлар асосида ўрганиш.....	16
Mirzahmedov M.H., Ayubov M.S., Normurodova Q.T., et al. Genom tahrirlash usuli orqali makkajo'xorining qurg'oqchilikka chidamli liniyalrini olish.....	19
Yusupov A.N, Ayubov M.S, Mirzahmedov M.H., et al. Post-genom texnologiyalari asosida soyani qurg'oqchilikka chidamliligini oshirish.....	20
Bashirxonov Z.H., Ayubov M.S., Yusupov A.N., et al. G'o'za ( <i>Gossypium hirsutum</i> ) liniyalari gen expressiyasini o'rganishda ishlatiladigan praymerler samaradorligini baholash.....	22
Mahmudova M.O'., Ayubov M.S., Yusupov A.N., et al. Cloning and analysing the phytochrome genes in tomato ( <i>Solanum lycopersicum l.</i> ).....	23
Salaxutdinov I.B., Xurshut E.E., et al. Геномные исследования бактерии <i>Erwinia amylovora</i> вызывающей бактериальный ожог плодовых культур.....	25
Mamatqulova Sh.X., Kamburova V.S., at el. Влияние инсерции RNAi конструкций на содержания микронутриентов в семенах хлопчатника.....	26
O'ralov J.S., Sanamyam M.F., et al. G'o'zaning <i>Gossypium hirsutum L.</i> turiga mansub monosomik liniyalar bilan <i>G. barbadense L.</i> turiga mansub pima 3-79 liniyasi chatishishi natijasida hosil bo'lgan F <sub>1</sub> duragaylarning konyugatsiya tahlili.....	28



Abdulkarimov Sh.S., Bobocho'jaev Sh.U., et al. Алоҳида хромосомаси алмашган шаклларда абиотик ва биотик омилларга ассоцициялашган SSR маркерлар ёрдамида <i>in silico</i> таҳлили. ....	31
Orifjonova U.A, Ayubov.M.S., et al. G'o'zaning ( <i>Gossypium hirsutum</i> L) hashoratga chidamli genlarini aniqlash va tahlil qilish. ....	33
Khatamov D.G., Ayubov M.S., Yusupov A.N., et al. Cloning and bioinformatic analysis of drought-related genes in soybean.....	35
Xusenov N.N., Norbekov J.K., et al. Fўзда FOV патогенига чидамлиликка алоқадор ДНК-маркерларнинг биоинформатик таҳлили.....	36
Reyimbergenova Z.A., Tsoy V.E., Tsay E.A., et al. Qandli diabetning 2 turi bilan kasallangan bemorlarda ADIPOQ genining ahamiyati.....	38
Mamatova M.S., Ayubov M.S., et al. Arabidopsis va g'o'za o'simliklaridagi fitoxrom genlar oilasini tavsiflash.....	40
Obidov N.Sh., Mirzahmedov M.H., Ayubov M.S., et al. Beta-heksosaminidaza genini CRISPR Cas9 yordamida tahrirlash orqali pomidor mevalarining saqlash muddatini oshirish.....	41
Mamajonov B.O., Ayubov M.S., Yusupov A.N., et al. <i>Arabidopsis thaliana</i> L. da HY5 genini o'chirish orqali olingan mutant o'simliklarda morfologik o'zgarishlarni baholash va boshqa genlar bilan integrasiyasini aniqlash.....	43
Abduxalimova S.A., Kurmaev S.E., et al. Yurak-qon tomir kasalliklarida CYP2E1 genining ahamiyati .....	45
G'ofurova S.F., M.S. Ayubov., et al. Elongated hypocotyl5 ( <i>HY5</i> ) genining RNK interferensiyasi va uning g'o'zadagi ( <i>Gossypium hirsutum</i> ) morfologik belgilarga ta'siri.....	46
Abdullaev A., Ubaydullaeva X.A., et al. Development of transformation method to obtain biotech cotton ( <i>Gossypium hirsutum</i> L.) carries synb rna1 construction using <i>Agrobacterium tumefaciens</i> .....	48
Avezov N.Sh., Qodirova L.A., et al. Значение взаимосвязи механизмов рецептора эстрогена и полиморфизма PRO47SER гена TP53 у больных раком молочной железы в подполном методом иммуногистохимического исследования.....	49
Imatxodjaeva A.S., Rahmatova N.R., et al. Исследование влияния солевого стресса на содержание свободного пролина и салициловой кислоты в листьях хлопчатника сорта Порлок-4.....	52



Imamxodjaeva A.S., Raхmatova N.R., et al. Поиск ортологов генов биосинтеза артемизинина в геномах некоторых видов растений .....	54
Razzokova R.B., Shukurov Sh.B., et al. Chromatographic separation of sweet recombinant brazzein protein for patients with diabetes .....	56
Mamatqulova G.F., Kamburova V.S., at el. Изучение экспрессии SOS генов у местных сортов хлопчатника .....	57
Lykholat O.A., Vyshnikina O.V., at el. Omic sciences and gastronomy .....	58
Nikitina Y.V., Savina N.V., et al. ДНК-маркеры для оценки видового разнообразия <i>Lamiaceae</i> во флоре Узбекистана .....	61
Nikitina Y.A., Биоинформатический метод проверки работоспособности KASP-маркеров устойчивости к биотическим и абиотическим факторам среды .....	64
Abdug`afforov A, Usmanov D. E., et al. O'simliklar - atmosferadagi CO <sub>2</sub> gazini o`zlashtirishda eng samarali vosita .....	65
Sharifjonov A.A., Usmanov D.E., et al. <i>Far1-related sequence (FRS)</i> genlar oilasi va ularning o`simliklardagi funksiyasi.....	66
Yakubov I.T., Berdieva L.O. Экспрессия генов компонентов теломеразного комплекса крысы .....	68
Yakubov I.T., Yusuffjonova J.M. Kalamush oshqozoni hujayralarida DNK va giston oqsillarining metillanish va demetillanish fermentlarining gen ekspressiyasini o`rganish.....	70
Usmanov D. E, Abdukarimov Sh. S., et al. G`o`za ( <i>G.hirsutum</i> ) <i>GH_SRNA5DPA12</i> kichik RNK sining nishon genini <i>in silico</i> yordamida aniqlash. ....	72
Rakhmanov B.K., Imamxodjaeva A.S., et al. Analysis of plant substances such as artemisinin using chromatography.....	73
Toshpo`latov A.X, Xamroxo`jayev A.X., et al. A meta-analysis of valueable economical traits in <i>Gossypium L.</i> ....	744
Radjarov F.S., Mamatqulova G.F., et al. Роль генов SOS в формировании солеустойчивости растений .....	75
Kamburova V.S., Mamatqulova G.F., at el. Влияние солевого стресса на антиоксидантную систему хлопчатника.....	78



Kamburova V.S., Mamatqulova G.F., et al. Изменение параметров фотосинтетической системы хлопчатника в условиях модельного солевого стресса.....	80
Mamatqulova G.F., Kamburova V.S., et al. Роль осмопротекторов в развитии солеустойчивости хлопчатника .....	82
Mamatqulova G.F., Kamburova V.S., et al. Ионный гомеостаз у сортов хлопчатника в условиях солевого стресса.....	84
Bolkiev A.A., Usmonov D.E., et al. Anor ( <i>Punica granatum</i> L.) o'simligida dnk markerlari yordamida o'tkazilgan genetik tadqiqotlar va ularning tahlili.....	86
<b>II. ГЕНЕТИКА РАСТЕНИЙ И ЖИВОТНЫХ .....</b>	
<b>89</b>	
Arslanova S.K., Ernazarova Z.A., et al. <i>G. herbaceum</i> L. va <i>G. nelsonii</i> Fryx. turlari ishtirokida kasalliklarga chidamlilik seleksiyasi uchun yangi sintetik allotetraploid donorlar olish.....	90
Sanamyan M.F., Boboxo'jaev Sh.U. Молекулярные маркеры в генетическом анализе беккроссных гибридов с чужеродным замещением хромосом <i>G. hirsutum</i> L./ <i>G. barbadense</i> L.....	90
Sanamyan M.F., Lapasova M.X., Boboxo'jaev Sh.U. Fўзанинг <i>G. hirsutum</i> L. айрим гомозигота транслокацион линияларни хромосомаларини тестер тўплами линиялари ёрдамида идентификация .....	92
Boyqobilov U.A., Xusenov N.N., et al. “Gene pyramiding” технологияси асосида олинган фўза генотипларининг морфобиологик белгиларини баҳолаш.....	95
Iskandarov A.A., Xamroxo'jayev A. R., et al. (AD) <sub>4</sub> genomi ishtirokida olingan murakkab duragaydagi ayrim morfobiologik ko'rsatkichlar taxlili .....	96
Kucharova I.A., Darmanov M.M. Fitovak va Uzgumi stimulyatorlarining Ravnaq-1 g'o'za navi morfobiologik belgilariga ta'siri .....	98
Kurganov S.K., Pulatov O.R. Спортчиларнинг индивидуал генетик хусусиятларига кўра рационал овқатланиш менюсини алоҳида тузиш.....	100
Kurganov S.K. Ҳомиласи тушиш ҳавфи ташҳисли беморларида молекуляр-генетик текширув тадқиқотларнинг ахамияти.....	102
Mamajonov A.B., Safarov K.S., et al. Qurg'oqchilik stressida g'o'za o'simligining barglaridagi xlorofill miqdori .....	104



Meliev S.K., Bozorov T., et al. Иқлим ўзгаришининг буғдой ҳосилдорлигига таъсири. ....	106
Muxammadaliyev R.I., Makamov A.X., et al. G’o’za bargidagi nisbiy suv miqdorini o’rganish orqali qurg’oqchilikka chidamliligini baholash. ....	108
Najodov B.B., et al. Exploring the link between allelic variations in high-molecular-weight glutenin’s and spring wheat grain quality ( <i>Triticum aestivum L.</i> ).....	110
Normamatov I.S., Makamov A.X., et al. Diverse morpho-biological responses of upland cotton genotypes to salt stress during the early growth phase .....	112
Rahimova G.X, Nabiev S.M. Rangli tolali namunalarda tola uzunligi va tola chiqimi belgilarining ko’rsatkichlari .....	113
Raxmatova N.R., Makamov A.X., et al. “Gene pyramiding” технологияси асосида олинган BC3F4 генотипларини тола сифат кўрсаткичларини баҳолаш .....	115
Xusanbayeva Sh.R., et al. Kartoshka o`simligida STPHYB geni funksiyasi.....	118
Azimov A.A., Usmanov D.E., Оценка солеустойчивости хлопчатника канонической дискриминантной функцией .....	120
Бабоева С.С., Маткаримов Ф.И., et al. Изменение площадь листья у образцов сорта пшеницы в условиях водного дефицита.....	122
Darmanov M.M., Makamov A.X., et al. Генларни пирамидалаш усули ёрдамида тола сифати юқори ва абиотик омилларга бардошли ғўза навларини яратиш..	124
Darmanov M.M., Normatov S.E A.X., et al. Исследование морфологических ответов сортов хлопчатника на биостимуляторы в условиях модельного солевого стресса .....	126
Kushakov Sh.O., Imamходжаева A.S., et al. Заражение томатов хлопковой совкой <i>Helicoverpa armigera</i> HBN.....	127
Mamanazarov Sh.I., Muhammadov Y.A., et al. “Порлоқ-4” ғўза нави синов намуналарининг лаборатория таҳлил натижалари .....	131
Mamanazarov Sh.I., Muhammadov Y.A., et al. Ўрта толали Порлоқ-4 ғўза навининг дала унувчанлиги ва пахта ҳосилдорлиги (тошкент вилояти типик бўз тупроқлари шароитида).....	133
Mamatqulova SH.X., Kamburova V.S., et al. Сравнительное определение содержания антинутриентов в RNAi линиях хлопчатника .....	135



Mamatqulova SH.X., Kamburova V.S., et al. Определение содержания макроэлемента в RNAi линиях хлопчатника.....	137
Nabiev S.M., Yuldashov O'.H. et al. Турли сув режими шароитларида <i>G.barbadense</i> L. турига мансуб ингичка толали ғўзанинг F <sub>1</sub> дурагайларида барглардаги умумий сув миқдори белгисининг ирсийланиши .....	140
Nabiev S.M., Matniyazova H.X., et al. Турли сув режими шароитларида ингичка толали ғўзанинг F <sub>1</sub> дурагайларида барглардаги транспирация жадаллиги белгисининг ирсийланиши .....	142
Nabiev S.M., et al. Сув билан турлича таъминланганлик шароитларида ингичка толали ғўзанинг F <sub>1</sub> дурагайларида баргларнинг сув ушлаш хусусияти белгисининг ирсийланиши .....	145
Chorshanbiev N.E., Nabiev S.M., et al. Ингичка толали ғўзада уруғлар шаклланиши ва ўсимликлар етиштирилишида сув билан таъминланганлик шароитларининг F <sub>2</sub> дурагайларидаги маҳсулдорлик белгисининг ўзгарувчанлик кўламига таъсири .....	147
Shavqiev J.Sh., Azimov A.A., et al. Сув билан оптимал таъминланганлик ва сув танқислиги шароитларида ўрта толали ғўза навларининг физиологик белгиларининг қиёсий таҳлили.....	149
Shavqiev J.Sh., Azimov A.A., et al. Сув билан оптимал таъминланганлик ва сув танқислиги шароитларида ўрта толали ғўза навларининг морфо-хўжалик белгиларининг қиёсий таҳлили.....	154
Muhammadov Y.A., Mamanazarov Sh.I., et al. “Равнақ-1” ғўза навининг бирламчи уруғчилигида тола чиқими ва узунлиги кўрсаткичларини яхшилаш.....	154
Omonqulov U.M., Norbekov J.K., et al. Генларни пирамидалаш технологияси асосида олинган ғўза тизмаларини тола сифати таҳлили .....	154
III. BIOTEKNOLOGIYA.....	162
Tukuser Y.P., Romanova O.V., et al. Индукция каллусообразования в культуре неопыленных семяпочек томата культурного ( <i>Solanum lycopersicum</i> L.) .....	162
Sa'dullayeva M.S., To'raqulova D.E., et al. Miroorganizmlarning Cu <sup>2+</sup> va Pb <sup>2+</sup> ionlarining turli konsentratsiyalariga rezistentligi.....	164
Umarova Sh.M. <sup>1,2</sup> , Ermatova H.Y., et al. Issiqlik denaturatsiya hamda kation almashinuv xromatografiya usullari yordamida tuxum oqidan lizotsim oqsilini tozalab olish .....	166





Usmonqulova A.A. Og`ir metallarga chidamli bakteriyalar tomonidan nikel va kadmiy metallarining biosorbsiyasi .....	168
Usmonqulova A.A., Aliyev Z.Z., et al. Mahalliy sianobakteriyalarning turli ozuqa muhitlarida biomassa hosil qilishini aniqlash va optimallashtirish .....	171
Raxmanov B.K., Imamxodjayeva A.S., et al. Artemizinin biosintezi asosida tuzilgan genetik konstruktsiyalarni <i>Agrobacterium tumefaciens</i> shtammlariga kiritish .....	173
Allaev O.U., Usmonov D.E., et al. Carbon nanotube–mediated dna delivery in mature plants .....	174
Butaev I.M., Usmanov D.E., et al. Applications of nanotechnology in cotton ( <i>Gossypium hirsutum</i> L.) growth and crop production .....	175
Juraeva X.K., Mustafina F.U. Влияние экспланта на тип микроклонального размножения двух видов <i>Ungernia bunge</i> ( <i>U. sewertzowii</i> (regel) B.Fedtsch. и <i>U. victoris</i> vved. ex Artjush.) .....	177
Shakirov Z.S., Yakubov I.T. <i>Rahnella aquatilis</i> ризобактериялар ва <i>Trichoderma harzianum</i> замбуруғлари штамmlарининг нордон фосфатаза хусусиятларини ўрганиш .....	180
Zakiryayeva S.I., Xomidjonova S.B., et al. Ризобактерия штамmlарининг буғдой фузариозига нисбатан антагонистларни скрининг қилиш.....	183
Babadjanova F.I., Ubaydullaeva X.A., et al. Somatic embryogenesis technology in cotton ( <i>Gossypium hirsutum</i> L.).....	185
Yusupov A.N., Ayubov M.S., Xatamov D.G'., et al. Soyada <i>Agrobacterium tumefaciens</i> vositasidagi transformatsiya samaradorligini oshirish.....	186
Sherbekova N.A., Zakiryayeva S.I., et al. Ғўза ризосфера бактериялари ва уларнинг ғўзани шўрланган тупроқларда униб чиқишига таъсири.....	188
Kadirova Z.A., Hojjeva D.K. Полимераза занжир реакцияси усули ёрдамида миелолейкоз касаллигини аниқлаш.....	190
Shakirov Z.S., Zakiryayeva S.I., et al. Ўзбекистоннинг турли зоналарида соя етиштирилган дала майдонлари тупроқларининг микробиологик таҳлили.....	192
Aliyev Z.Z., Abdullayev A.K., et al. Azotobacter va azospirillum, bacillus avlodlariga mansub shtammlaridan ajraladigan fitogormonlar miqdori.....	194
Artiqbaeva G.M., Ishanxodjaev T.M., et al. Инсулин, головной мозг, болезнь альцгеймера.....	196



- Ishanxodjaev T.M., Artiqbaeva G.M., et al. Исследование липидного состава отдельных зон головного мозга животных с экспериментальной моделью НДС ..... 198
- Eshmurzaev J.B., Abdullaev A.N., et al. РНК интерференция технологияси ёрдамида буғдой (*Triticum aestivum* L.) нинг РНУА1 генини *Agrobacterium tumefaciens* воситасида трансформация қилиш.....201
- Boboev S.N., Jumaev I.Z., et al. Кардиомиоцитларда ДКВ-6 ва ДКВ-8 конъюгатларининг RYR2 функциясига таъсирини баҳолаш .....202
- Ibragimov E.B., et al. 12-hydroxynorfluorocurarine chloromethylate indol alkaloidining papillary muskul qisqarish faolligiga inotrop ta'sirini baholash .....204
- Shukurov Sh.B.<sup>1</sup>, Razzokova R.B., et al. Using the probiotic *Pediococcus acidilactici* to produce lactose-free dairy products .....206
- Zaripov A.A., Yesimbetov A.T., et al. F-25 алкалоидининг вазорелаксант таъсирида I-тип Ca<sup>2+</sup>-каналларининг ўрнини аниқлаш.....207
- Saatov T.S., Ishanxodjaev T.M., et al. Изучение сигнальной системы инсулина в головном мозге крыс .....209
- Babadjanova F.I., Yoqubova S.R., et al. Dorivor boychechak (*Galanthus woronowii* L.) o'simligini *in vitro* sharoitida mikroklonal ko'paytirishda fitogormonlarning tasri..212
- Abdullaev S.A., Ubaydullaeva X.A., et al. Application of embryo rescue technique in breeding program of seedless grapes.....214
- Narmatov S.E., Darmanov M.M., et al. Rizakom-1 va Mikrozim-2 biopreparatlar tasirida g'oz o'simligining barglaridagi xlorafill miqdori .....214
- Murodov A.A., Ayubov.M.S, et al. Pomidor mevasini saqlanishini uzaytirishda RNK interferensiya texnologiyasidan foydalanish.....216
- Mirzaeva Yu.T., Usmanov P.B., et al. Сравнительные релаксантные действия оксадиазола Д-111 и триазола Д-286 на гладкомышечные клетки аорты.....218
- Kadirova Z.A., Tashmuxeimedova Sh.S. *Physalis alkekengi* ўсимлигини *in vitro* усулида кўпайтиришда микроэлементларнинг роли.....219
- Narmuxeimedova M.K., Xusanov T.S., et al. Бактериальных рибонуклеаз .....221
- Yusufjonova N.F., Abduxalilov A.A., et al. Ўзбекистоннинг турли хуудларида термофил актиномицетларнинг хилми-хиллигини ўрганиш.....223



Abduxalilov A.A., Yusufjonova N.F., et al. Айрим доривор ўсимликларни эндофит бактерияларининг морфологик хусусиятлари ва фермент ҳосил қилиш қобилиятлари .....	225
Nizomova D.K., Juraeva R.N. Mikroorganizmlar to'plamida uzoq muddatda saqlanayotgan <i>Candida</i> avlodiga mansub achitqilarning morfologik-kul'tural xususiyatlarini o'rganish .....	227
Mirzakhmedov M.Kh., Shermatov Sh.E., et al. G'o'zada qo'shgaploidlar olishning yangi usulini ishlab chiqish.....	227
Yangiboev Y.Z., Raximov R.N. <i>Euphorbia ferganensis</i> ўсимлигидан полифеноллар йиғиндиси ажратиб олишнинг мақбул шароити.....	230
Darmanov M.M., Ubaydullaeva X.A., et al. Маҳаллий сара узум навларини <i>in vitro</i> усулида микроклонли кўпайтириш .....	233
Zuparova D.M., Ablazova M.M., et al. Геномика ва биоинформатика марказида яратилган ғўза навларига нисбатан вилт касаллигини кўзғатувчи замбуруғларнинг патогенлиги .....	235
Rajarov F.S., Mamatkulova G.F. et al. Определение уровня патогенности изолятов <i>Fusarium solani</i> и разработка методов идентификации.....	237
Bozorov I.E., Darmanov M.M., et al. RNAi texnologiyasini qo'llab g'o'zaning vilt ( <i>Verticillum dahliae</i> ) ga chidamliligini oshirish. ....	239
Erkaboeva D.O, Usmonov D.E., et al. G'o'za tunlami ( <i>Helicoverpa armigera</i> ) ga qarshi kurashishda maqsadli va funksiyanal genlardan foydalanish .....	241
Jamalova D.N., et al. Особенности получения вторичных метаболитов в каллусных культур <i>Ferula tadshikorum</i> pimenov в культуре <i>in vitro</i> .....	243
Raxmatova N.R., Imamxodjaeva A.S., et al. Определение эндогенной салициловой кислоты в листьях биотехнологических генотипов хлопчатника при искусственно созданных условиях засоления.....	245
G'ulomov J.I., Reyimbergenova Z.A., et al. Sut achituvchi bakteriyalarning kariogen patogen <i>S.mutans</i> ga nisbatan bakteriotsinogen faolligi. ....	247
Nurmatova S.B., Kurmaeva D.N., et al. Метаболомическое профилирование связанных с возрастом метаболитов у населения узбекистана.....	248
Irgasheva S.U., Ibragimova E.A., et al. Алиментар семиз ҳайвонларда оксидланиш стресс ҳолати ва уни ўсимлик антиоксидантлари билан коррекциялаш .....	251



Shodiev N.N., Abdusamatov S.A., et al. Production of protease enzyme produced by a novel thermophilic bacterium isolated from a hot spring of Oltinsoy village, Navoiy region, Uzbekistan.....	253
Bolkiev A.A., Abdullaev S.A., et al. Anor ( <i>Punica granatum</i> l.) to'qimalari kulturasi va biotexnologiyasi .....	254
Raxmanov B.K., Bolkiev A.A et al. Biomahsulot olish uchun steviya o'simligini in vitro tadqiq etish.....	257
СОДЕРЖАНИЕ .....	259