ГЕНЕТИКА, ГЕНОМИКА ВА БИОТЕХНОЛОГИЯНИНГЗА МОНАВИЙ МУАММОЛАРИ

Республика илмий анжумани
2018 йил 18 май

СОВРЕМЕННЫЕ ПРОБЛЕМЫ ГЕНЕТИКИ, ГЕНОМИКИ И БИОТЕХНОЛОГИИ

Республиканская научная конференция
18 мая 2018 года

Ташкент

ЎЗБЕКИСТОН РЕСПУБЛИКАСИ ФАНЛАР АКАДЕМИЯСИ
ГЕНОМИКА ВА БИОИНФОРМАТИКА МАРКАЗИ

ГЕНЕТИКА, ГЕНОМИКА ВА БИОТЕХНОЛОГИЯНИНГ ЗАМОНАВИЙ МУАММОЛАРИ

РЕСПУБЛИКА ИЛМИЙ АНЖУМАНИНИНГ ТЕЗИСЛАР ТЎПЛАМИ

18 май 2018 йил

***

АКАДЕМИЯ НАУК РЕСПУБЛИКИ УЗБЕКИСТАН
ЦЕНТР ГЕНОМИКИ И БИОИНФОРМАТИКИ

СБОРНИК ТЕЗИСОВ
РЕСПУБЛИКАНСКОЙ НАУЧНОЙ КОНФЕРЕНЦИИ

СОВРЕМЕННЫЕ ПРОБЛЕМЫ ГЕНЕТИКИ, ГЕНОМИКИ И БИОТЕХНОЛОГИИ

18 мая 2018 года

Ташкент – 2018 год

Редакционная коллегия:

Акад. Абдурахмонов И.Ю.,
д.б.н. Буриев З.Т.,
к.б.н. Шерматов Ш.Э.,
к.б.н. Имамходжаева А.С.

Сборник утвержден в печать решением Ученого совета Центра (протокол № 4 от 5 мая 2018 года).

Благодарность: Нуриддинову А.Ш. и Пратову Ф.Ф. за активное участие в создании сборника материалов и дизайн обложки

Центр геномики и биоинформатики АН РУз, 2018 г.

Содержание

I. ГЕНОМИКА, ПРОТЕОМИКА И БИОИНФОРМАТИКА

1. Абдирова А.Ч., Ибрагимов А.А., З.М. Еникеева К МЕХАНИЗМУ ЦИТОТОКСИЧЕСКОГО ДЕЙСТВИЯ НЕКОТОРЫХ НОВЫХ ПРОИЗВОДНЫХ ТРОПОЛОНОВЫХ АЛКАЛОИДОВ…….....……14

2. Агзамова Н.А, Еникеева З.М., Холтураева Н.Р, Алиева Д.А., Дильмуродова М. НОВЫЕ ВОДОРАСТВОРИМЫЕ СУПРАМОЛЕКУЛЯРНЫЕ КОМПЛЕКСЫ ГЛИЦИРРИЗИНОВОЙ КИСЛОТЫ С ПРОИЗВОДНЫМИ КОЛХАМИНА К-14 И К-2……..…….....……15

3. Алиева Д.А., Еникеева З.М., Ибрагимов А.А., Карпышева И.В. ВЛИЯНИЕ СОЕДИНЕНИЙ К-48 И К-42 НА ИНДУКЦИЮ КОЕс…….....……..17

4. Амантурдиев И.Ғ., Намазов Ш.Э. ЧИГИТ ТАРКИБИДАГИ (+)-ГОССИПОЛ МИҚДОРИ ВА КЎСАК ҚУРТИ БИЛАН ЗАРАРЛАНИШ ДАРАЖАСИ ОРАСИДАГИ БОҒЛИҚЛИКЛАР…….....….……...19

5. Амантурдиев И.Ғ., Рахимов Т.А., Намазов Ш.Э. ҒЎЗА ДУРАГАЙЛАРИДА ИЛДИЗ ЧИРИШ КАСАЛЛИГИГА (*RHIZACTONIA SOLANI*) ЧИГИТДАГИ УМУМИЙ ВА (+)-ГОССИПОЛ МИҚДОРЛАРИНИ ТАЪСИРИ….....….....21

6. Абдираимова Х.М., Шерматов Ш.Э., Имамходжаева А.С. ИССЛЕДОВАНИЕ КОЛБАСНЫХ ПРОДУКТОВ НА СОДЕРЖАНИЕ ГМО……....……23

7. Абдугафурова Д.Г., Кадырова Д.А. ОСОБЕННОСТИ НАРУШЕНИЯ ЭКСПРЕССИИ ГЕНА ТИРЕОГЛОБУЛИНА В КЛЕТКАХ ЩИТОВИДНОЙ ЖЕЛЕЗЫ В ПРОЦЕССЕ СТАРЕНИЯ……...……..25

8. Абдукаримов Ш.С., Макамов А.Х., Дарманов М.М., Бобохужаев Ш.У., Санамьян М.Ф., Буриев З.Т. ҒЎЗАНИНГ F_1 АВЛОД МОНОСОМИК ДУРАГАЙЛАРИДА НУҚСОНЛИ ХРОМОСОМАЛАРНИ ДНК МАРКЕРЛАР ЁРДАМИДА ИДЕНТИФИКАЦИЯ ҚИЛИШ…….….....27

9. Адылова А.Т., Солиев А.Б., Эномото К. ВЛИЯНИЕ БАКТЕРИАЛЬНОГО ПИГМЕНТА ВИОЛАСЕИНА НА АКТИВНОСТЬ НЕКОТОРЫХ ПРОТЕИНКИНАЗ……...……..29

10. Азимов А.А., Холмурадова М.М., Имамходжаева А.С., Тураев О.С., Хусенов Н.Н. ДИСПЕРСИОННЫЙ АНАЛИЗ И ОЦЕНКА ЗАСУХОУСТОЙЧИВОСТИ НЕКОТОРЫХ РОДИТЕЛЬСКИХ ЛИНИЙ ГЕНОТИПОВ ХЛОПЧАТНИКА……...30

11. Аллабердиев Р.Х., Камалова М.Д. О ЗНАЧЕНИИ ЦИТОПЛАЗМАТИЧЕСКИХ БЕЛКОВ ПЫЛЬЦЕВЫХ ЗЁРЕН У НЕКОТОРЫХ ВИДОВ HIBISCUS *L.* И *GOSSYPIUM L*…….....32

12. Аманбаева Р.С., Тураев О.С., Норбеков Ж.Қ., Хусенов Н.Н., Кушанов Ф.Н. ДНК-БАРКОДЛАШ ТЕХНОЛОГИЯСИДАН ФОЙДАЛАНИБ МАҲАЛЛИЙ ҒЎЗА НАВЛАРИНИ МОЛЕКУЛЯР ИДЕНТИФИКАЦИЛАШ…….....…34

13. Артикова Р.М., Набиходжаева М. Ортикова М. *BACILLUS* ТУРКУМИГА КИРУВЧИ БАКТЕРИЯЛАРНИНГ АНТОГОНИСТИК ХУСУСИЯТЛАРИ……..36

14. Артыкбаева Г.М., Мамаджанов А., Ялалова И.Р., Саатов Т. КОМПЬЮТЕРНЫЙ АНАЛИЗ НЕЙРОТРОФИНОВ И ДЕСТАБИЛАЗЫ МЕДИЦИНСКОЙ ПИЯВКИ…….....38

15. Ахмадалиев Б.Ж., Файзиев В.Б. ТОШКЕНТ ВИЛОЯТИДА КАРТОШКА М-ВИРУСИНИНГ ТАРҚАЛИШИНИ ИФА ЁРДАМИДА АНИҚЛАШ…….....39

16. Ayubov Mirzakamol, Sukumar Saha, Tokhirbek Norov, Dewayne Deng, Sheron Simpson, Brian Scheffler, Johnnie N. Jenkins, Zabardast Buriev and Ibrokhim Abdurakhmonov ASSESSING GENETIC DIVERSITY OF IMPROVED *GOSSYPIUM HIRSUTUM* AND *G. BARBADENSE* LINES USING FIBER ASSOCIATED NUCLEAR SSR AND NEWLY DEVELOPED CYTOPLASMIC SSR AND INDEL MARKERS…….....40

17. Бобоев К. Т., Ибрагимов З.З. ЭСТРОГЕН РЕЦЕПТОРИ ГЕНИНИНГ rs2228480 ПОЛИМОРФИЗМИ БИЛАН ОСТЕОПОРОЗ ОРАСИДАГИ БОҒЛИҚЛИКНИ ТЕКШИРИШ…….....…….....43

18. Буриев З.Т., Рузибаев Х.С., Убайдуллаева Х.А. ТРАНСФОРМАЦИЯ ПРОМОТОРНОЙ КОНСТРУКЦИИ СО ВСТАВКОЙ НА ОСНОВЕ *MIC-3* ПРОМОТОРОВ В ХЛОПЧАТНИК……...…45

19. Bronikowski A., Koschorreck K., Urlacher V.B. PROTEIN ENGINEERING OF A NEW FUNGAL MANGANESE PEROXIDASE FROM *M. RORERI*……..…..48

20. Vlada B. Urlacher, Priska Le-Huu, Sarah Kranz ENZYME ENGINEERING OF P450 MONOOXYGENASES FOR SELECTIVE LATE-STAGE OXIDATION OF COMPLEX TERPENOID SCAFFOLDS……49

21. Гильдиева М.С., Абдувалиев А.А., Сайдалиева М., Хидирова М.Б. МИКРО-РНК И МОДЕЛИРОВАНИЕ РЕГУЛЯТОРИКИ ПИЩЕВАРИТЕЛЬНОЙ СИСТЕМЫ В НОРМЕ И ПРИ ЗЛОКАЧЕСТВЕННЫХ НОВООБРАЗОВАНИЯХ…….…..51

22. Дарманов М.М., Макамов А.Х., Абдукаримов Ш.С. ҒЎЗАНИНГ НУҚСОНЛИ ХРОМАСОМАЛАРИНИ ДНК МАРКЕРЛАРИ ЁРДАМИДА АНИҚЛАШ……53

23. Дарманов М.М., Макамов А.Х., Тўраев О.С., Н.Н.Хусенов, Кушанов Ф.Н., Буриев З.Т., Абдурахмонов И.Ю. ДНК МАРКЕРЛАРИ ЁРДАМИДА ТОЛА УЗУНЛИГИНИ ЯХШИЛАШ…….....55

24. Джумаев А.И., Турдикулова Ш.У. АНТИОКСИДАНТНАЯ АКТИВНОСТЬ ПРОИЗВОДНОГО ГОССИПОЛА В ВОДОРАСТВОРИМОЙ ФОРМЕ…….…..57

25. Джумаев А.И., Турдикулова Ш.У. БИОЛОГИЧЕСКАЯ АКТИВНОСТЬ МЕГОСИНА В СУПРАМОЛЕКУЛЯРНОМ КОМПЛЕКСЕ С γ-ЦИКЛОДЕКСТРИНОМ…….…....58

26. Еникеева З.М., Ибрагимов И.Ш., Тураев А. ИЗУЧЕНИЕ ВОЗДЕЙСТВИЯ НОВЫХ ПРОИЗВОДНЫХ КОЛХИЦИНА НА МИКРОТУБУЛАХ ЦИТОСКЕЛЕТА МЕРИСТЕМЫ *VICIA FABA*……..…60

27. Еникеева З.М., Холтураева Н.Р., Агзамова Н.А., Дильмуродова М.А. НОВЫЕ КОМПЛЕКСЫ ГК И МАСГК С ПРОИЗВОДНЫМИ КОЛХИЦИНА К-18 И К-26……...…….……..61

28. Еноктаева О.В. ОПИСАНИЕ БАЗЫ ДАННЫХ «ALLIUM-TEST», ИСПОЛЬЗУЕМОЙ ПРИ ОЦЕНКЕ МУТАГЕННОЙ АКТИВНОСТИ ФАКТОРОВ РАЗЛИЧНОЙ ПРИРОДЫ В ЭКСПЕРИМЕНТЕ…….....64

29. Зупарова Д.М., Аблазова М.М., Қуйсинова Ю.М., Дарманов М.М., Камбурова В.С. ТРИХОДЕРМА ЗАМБУРУҒЛАРИНИНГ АНТАГОНИСТИК ХУСУСИЯТЛАРИГА ЭГА ШТАММЛАРИНИ МОЛЕКУЛЯР ТАҲЛИЛИНИ ЎТКАЗИШ УЧУН ТАНЛАБ ОЛИШ……....66

30. Ибрагимов А.А., Ибрагимов Ш.Н., Агзамова Н.А., Абдирова А.Ч., Еникеева З.М. ИЗУЧЕНИЕ МЕХАНИЗМА ДЕЙСТВИЯ НОВОГО ПРОТИВООПУХОЛЕВОГО ПРЕПАРАТА КОЛХАМЕТИНА, ПРЕДПОЛАГАЕМОГО РАДИОСЕНСИБИЛИЗАТОРА……...67

31. Ибрагимов А.А., Еникеева З.М. РАЗРАБОТКА МЕТОДА ПРЕОДОЛЕНИЯ РЕЗИСТЕНТНОСТИ ОПУХОЛЕЙ ПРИ ХИМИОТЕРАПИИ……...69

32. Ибрагимов Ш.Н., Еникеева З.М., Агзамова Н.А., Ибрагимов А.А., ХАСАНОВА Д., Алиева Д.А., УМАРОВ М. ИММУННЫЙ СТАТУС ЖИВОТНЫХ С ОПУХОЛЬЮ САРКОМА 180 ПОСЛЕ ЛЕЧЕНИЯ ОБЛУЧЕНИЕМ И ПРЕПАРАТАМИ К-19 И К-2……..…71

33. Имамходжаева А.С., Рузибаев Х.С., Маткаримов М.У., Абдираимова Х.М., Адылова А.Т. БИОТЕХНОЛОГИЧЕСКИЙ ХЛОПЧАТНИК И ГЕН *NPT* II …….…....73

34. Исанбаева Л.М., Кадырова Д.А. ЗНАЧЕНИЕ Р-ГЛИКОПРОТЕИНА В ФОРМИРОВАНИИ ЛЕКАРСТВЕННОЙ УСТОЙЧИВОСТИ ПРИ МИОМАХ МАТКИ……....75

35. Курганов С.К. МОДЕЛИРОВАНИЕ КАРТИНЫ ВАРИАБЕЛЬНОСТИ НА ПРИМЕРЕ ГЕНОВ HLA И STR ЛОКУСОВ..... …….....77

36. Кадырова Д.А., Исанбаева Л.М. АССОЦИАЦИЯ ПОЛИМОРФИЗМА ГЕНА MDR1 С ЭФФЕКТИВНОСТЬЮ ТЕРАПИИ ПРИ РАКЕ МОЛОЧНОЙ ЖЕЛЕЗЫ…….....79

37. Кадырова Д.А., Исанбаева Л.М. ОЦЕНКА РОЛИ ГЕНА-СУПРЕССОРА TP53 В ФОРМИРОВАНИИ ПРОГРЕССИИ РАКА МОЛОЧНОЙ ЖЕЛЕЗЫ….....81

38. Камбурова В.С., Убайдуллаева Х.А., Назарова Е.Ф., Абдурахмонов И.Ю. ИСПОЛЬЗОВАНИЕ РНК ИНТЕРФЕРЕНЦИИ В БОРЬБЕ С НАСЕКОМЫМИ ВРЕДИТЕЛЯМИ……..……..…83

39. Камбурова В.С., Убайдуллаева Х.А., Назарова Е.Ф., Абдурахмонов И.Ю. МОЛЕКУЛЯРНЫЕ МЕХАНИЗМЫ РАЗВИТИЯ ХЛОПКОВОГО ВОЛОКНА……...……...85

40. Каршиев Т.О., Махамаджонова М.М., Овлакулов С.Т. ИЗУЧЕНИЕ ПОЛИМОРФИЗМА ГЛИАДИНОВ НЕКОТОРЫХ СОРТОВ ПШЕНИЦЫ…….....87

41. Каршиев Т.О., Махамаджонова М.М., Овлакулов С.Т. ИССЛЕДОВАНИЕ ГЕНЕТИКО-БИОХИМИЧЕСКОЙ АНАЛИЗ ЗЕИНОВ РАЗЛИЧНЫХ ЛИНИЙ СЕМЯН КУКУРУЗЫ……..…89

42. Кучбоев А.Э., Амиров О.О., Каримова Р.Р. МОРФОЛОГИЧЕСКИЙ И МОЛЕКУЛЯРНЫЙ АНАЛИЗ НЕКОТОРЫХ ВИДОВ НЕМАТОД РОДА *MARSHALLAGIA* (NEMATODA: OSTERTAGIINAE) – ПАРАЗИТОВ ОВЕЦ……..……..…91

43. Кушаков Ш.О., Мисиров С. ВРЕДОНОСНОСТЬ ПАУТИННОГО КЛЕЩА НА СРЕДНОВОЛОКНИСТЫХ *G hirsitum* L. ГИБРИДНЫХ КОМБИНАЦИЯХ ХЛОПЧАТНИКА СОЗДАННЫХ ПУТЁМ ГЕН-НОКАУТА …..……..……...…93

44. Кушаков Ш.О. , Мисиров С. РАСПРОСТРАНЕНИЕ ТЛИ НА ГЕН-НОКАУТНЫХ СОРТАХ, ГИБРИДНЫХ КОМБИНАЦИЯХ, И ЛИНИЯХ ХЛОПЧАТНИКА……...94

45. Қуйсинова Ю.М., Норбеков Ж.Қ., Тураев О.С., Зупарова Д.М., Дарманов М.М., Макамов А.Х., Кушанов Ф.Н., Буриев З.Т. БУҒДОЙДА УЯЛИ АССОЦИАТИВ КАРТАЛАШТИРИШ ПОПУЛЯЦИЯСИНИ ЯРАТИШ……..……...97

46. Миронюк О.С., Снытков Е.В., Кипень В.Н. ДИФФЕРЕНЦИРУЮЩИЙ ПОТЕНЦИАЛ SNP-МАРКЕРОВ ДЛЯ ОПРЕДЕЛЕНИЯ ЧИСТОПОРОДНОСТИ КОШЕК МЕЙН-КУН……..……...…98

47. Миронюк О.С., Снытков Е.В., Кипень В.Н. МОДЕЛИРОВАНИЕ ПАНЕЛИ SNP-МАРКЕРОВ С ВЫСОКИМ ДИФФЕРЕНЦИРУЮЩИМ ПОТЕНЦИАЛОМ ДЛЯ ОПРЕДЕЛЕНИЯ ЧИСТОПОРОДНОСТИ КОШЕК МЕЙН-КУН……101

48. Макамов А.Х., Салахутдинов И.Б., Хуршут Э.Э., Дарманов М.М., Тураев О.С., Норбеков Ж.Қ., Қўйсинова Ю.М., Холмурадова М.М., Адилова О.Т., Шерматов Ш.Э., Буриев З.Т., Абдурахмонов И.Ю. ҒЎЗАНИНГ РЕКОМБИНАНТ ИНБРЕД ЛИНИЯЛАР (РИЛ) ПОПУЛЯЦИЯСИДА ТОЛА ПИШИҚЛИГИНИ QTL ХАРИТАЛАШ……..……....104

49. Маматкулова Ф.А., Маматкулова Д.А., Хамидова Х.М., Черкасова Г.В. ОТНОШЕНИЕ BIFIDOBACTERIUM BIFIDUM SP.5 И BIFIDOBACTERIUM BIFIDUM SP.6 К РАЗЛИЧНЫМ КОНЦЕНТРАЦИЯМ ЖЕЛЧИ….....……107

50. Маматкулова Ф.А., Маматкулова Д.А., Жураева У.М., доц., Магбулова Н.А. ОТНОШЕНИЕ *BIFIDOBACTERIUM BIFIDUM SP.5 И BIFIDOBACTERIUM BIFIDUM SP.6* К РАЗЛИЧНЫМ КОНЦЕНТРАЦИЯМ СОЛИ NACL…….109

51. Махкамов С.А., Файзиев В.Б. ОТҚУЛОҚ (R. CRISPUS) ПЕРОКСИДАЗА ФЕРМЕНТИНИНГ ҲУЖАЙРА ДЕВОРИ БИЛАН КУЧСИЗ БОҒЛАНГАН ВА ЭРУВЧАН ФОРМАСИНИ ЎРГАНИШ…….....110

52. Махкамова А., Никитина Е.В., Имамходжаева А.С. О НЕКОТОРЫХ МЕТОДАХ ПЕРЕНОСА ДНК В ГЕНОМ РАСТЕНИЙ……..……...112

53. Мирзажонова Г.С., Армин Ҳ., Олаф В., Кучкарова Л.С. *ANACANTHOTERMES AHNGERIANUS JACOBS* ИШЧИ ТЕРМИТЛАРИ ОММАТИДИЯЛАРИДАГИ РАДОПСИННИ МОЛЕКУЛЯР КЛОНЛАШ…….....114

54. Мустафакулов М.А., Зайнутдинов Б.Р., Ибрагимов З.З., Ишанходжаев Т.М., Саатов Т.С. ИССЛЕДОВАНИЕ ПАРАМЕТРОВ ОКИСЛИТЕЛЬНОГО СТРЕССА НА ЭКСПЕРИМЕНТАЛЬНОЙ МОДЕЛИ БОЛЕЗНИ ПАРКИНСОНА……....115

55. Мустафакулов М.А., Иргашева С., Ибрагимова Э.А., ИШАНХОДЖАЕВ Т.М., СААТОВ Т.С. ПАРАМЕТРЫ ОКИСЛИТЕЛЬНОГО СТРЕССА ПРИ ЭКСПЕРИМЕНТАЛЬНОЙ МОДЕЛИ БОЛЕЗНИ АЛЬЦГЕЙМЕРА….....116

56. Набиходжаева М., Артикова Р.М., Ибрагимова Н.М. BACILLUS SPP. ШТАММЛАРИНИНГ ҲАЙВОНЛАРДА ПАТОГЕН МИКРООРГАНИЗМЛАРГА ҚАРШИ АНТОГОНИСТИК ФАОЛЛИГИНИ ЎРГАНИШ…….....118

57. Назиров М.М, Убайдуллаева Х.А. ПОЛУЧЕНИЕ СУСПЕНЗИОННЫХ КАЛЛУСНЫХ КУЛЬТУР (SILYBUM MARIANUM L.)…….……..…120

58. Насметова С.М., Саттарова Г.Б. ФУНГИЦИДНЫЕ СВОЙСТВА ЛОВАСТАТИН-СОДЕРЖАЩЕГО ЭКСТРАКТА МУТАНТНОГО ШТАММА ASPERGILLUS TERREUS- UV5g……..……....121

59. Ниёзов Хасан Н., Абдурахмонов А.Ф., Ниёзов Хусан Н. СУТ МАХСУЛОТЛАРИ ТАРКИБИДАГИ БИФИДОБАКТЕРИЯЛАРНИ ХУСУСИЯТЛАРИНИ ЎРГАНИШ…….....…….123

60. Ниёзов Х.Н., Қурбонова Х.Н.,Саидаминов Б.Т. САНОАТ МИКРОБИОЛОГИЯ АСОСИДА БИОПРЕПАРАТЛАР ИШЛАБ ЧИҚАРИШ УЧУН МАЙОРАН ЎСИМЛИГИНИ ХУСУСИЯТЛАРИНИ ЎРГАНИШ……...126

61. Никитина Е.В., Имамходжаева А.С. РНК-ИНТЕРФЕРЕНЦИЯ В СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННЫХ КУЛЬТУРАХ.....128

62. Норбеков Ж.Қ., Тураев О.С., Хусенов Н.Н., Дарманов М.М., Аллаяров Х.Н., 1Қўйсинова Ю.М., Дилмуродов Ш., Кушанов Ф.Н., БУҒДОЙДА КЎП ОТА-ОНА НАМУНАЛАРИ АСОСИДА ХАРИТАЛАШ ПОПУЛЯЦИЯСИНИ ЯТАРИШ СТРАТЕГИЯСИ.....130

63. Нормаматов И.С., Тураев О.С., Хусенов Н.Н., Норбеков Ж.Қ., Бойқобилов У.А., Аллаяров Х.Н., Кушанов Ф.Н. УАК ПОПУЛЯЦИЯСИ ОТА-ОНА НАМУНАЛАРИНИ ШЎРГА ЧИДАМЛИЛИК ДНК-МАРКЕРЛАРИ ЁРДАМИДА ТАҲЛИЛ ҚИЛИШ.....131

64. Норов Т.М., Аюбов М.С., Маткаримов М.У., Абдукаримов Ш.С., Махкамова А.Ш., Эркаева О.Б., Бўриев З.Т., Абдурахмонов И.Ю. ГЕНЛАРНИ ПИРАМИДАЛАШДА ЗАМОНАВИЙ БИОТЕХНОЛОГИК ВА АНАНАВИЙ СЕЛЕКЦИЯ УСУЛЛАРИНИНГ РОЛИ.....132

65. Нуриддинов А.Ш., Бикметова Д.И, Пратов Ф.Ф., Салахутдинов И.Б. ОПТИМИЗАЦИЯ МЕТОДА ВЫДЕЛЕНИЕ ДНК ИЗ ЛИСТЬЕВ ВИНОГРАДА.....134

66. Нишанов Д.А., Мадалиев А.А., Еникеева З.М., Агзамова Н.А., Ибрагимов Ш.Н. ЭФФЕКТИВНОСТЬ ПРЕПАРАТОВ К-2 И К-19, ПРИМЕНЕННЫХ СОВМЕСТНО С ОБЛУЧЕНИЕМ НА ЖИВОТНЫХ СО ШТАММОМ САРКОМА 180, И ИХ ВЛИЯНИЕ НА ПАТОМОРФОЗ.....136

67. Нурмаматов Х.П. РОЛЬ ВНЕДРЕНИЯ ЛЕКАРСТВЕННЫХ СРЕДСТВ ОТЕЧЕСТВЕННОГО ПРОИЗВОДСТВА ДЛЯ ЛЕЧЕНИЯ И ПРОФИЛАКТИКИ БОЛЕЗНЕЙ СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННЫХ ПТИЦ……..…137

68. Орлов Ю.Л., Цуканов А.В., Богомолов А.Г., Добровольская О.Б. МЕТОДЫ БИОИНФОРМАТИКИ ДЛЯ ПОИСКА НЕКОДИРУЮЩИХ РНК, СВЯЗАННЫХ С УСТОЙЧИВОСТЬЮ РАСТЕНИЙ К ЗАСУХЕ.....139

69. Рахмонова Г.Г., Якубова Р.А., Фомина М.А., Тагайалиева Н.А., Баратов К.Р. ПРОЯВЛЕНИЯ ГЕНОТОКСИЧЕСКОГО ВЛИЯНИЯ ЛЕКАРСТВЕННЫХ ПРЕПАРАТОВ.....142

70. Рузиева Д.М., Абдульмянова Л.И., Гулямова Т.Г. ГРИБЫ-ЭНДОФИТЫ УЗБЕКИСТАНА –ПРОДУЦЕНТЫ САПОНИНОВ.....144

71. Рузимуродов М.А., Маматкулов И.Х., Игнатов П.Е. БРУЦЕЛЛЁЗНАЯ ИСКУССТВЕННАЯ ВАКЦИНА (БИВ) ДЛЯ ПРОФИЛАКТИКИ БРУЦЕЛЛЁЗА ЖИВОТНЫХ.....145

72. Разикова М.Ф., Юсупова У.Ю., Рамазонов Н.Ш. ФИТОЭКДИСТЕРОИДЫ ИЗ НАДЗЕМНОЙ ЧАСТИ РАСТЕНИЯ *STACHYS SP*.....147

73. Рузибоев Х.С. , Имамходжаева А.С., Буриев З.Т. УЛУЧШЕНИЕ КАЧЕСТВА ХЛОПКОВОГО ВОЛОКНА С ПОМОЩЬЮ ГЕНОМНОЙ ТЕХНОЛОГИИ.....149

74. Снытков Е.В., Миронюк О.С., Кипень В.Н. ДИФФЕРЕНЦИРУЮЩИЙ ПОТЕНЦИАЛ SNP-МАРКЕРОВ ДЛЯ ОПРЕДЕЛЕНИЯ ЧИСТОПОРОДНОСТИ БУРМАНСКОЙ КОШКИ.....150

75. Снытков Е.В., Миронюк О.С., Кипень В.Н. ОПРЕДЕЛЕНИЕ ЧИСТОПОРОДНОСТИ КОШЕК ПОРОДЫ ДЕВОН-РЕКС С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ SNP-МАРКЕРОВ.....153

76. Саатов Т.С., Мустафакулов М.М., Ибрагимов З.З., Ишанходжаев Т.М., Ибрагимова Э.А., Абдулладжанова Н.Г., Иргашева С.У., Зайнутдинов Б.Р. АНТИОКСИДАНТНЫЙ И ГИПОГЛИКЕМИЧЕСКИЙ ЭФФЕКТ ПРЕПАРАТА ГОССИТАН.....155

77. Саатов Т.С., Артыкбаева Г.М., Ялалова И.Р., Мамаджанов А. НЕЙРИТСТИМУЛИРУЮЩАЯ АКТИВНОСТЬ МЕДИЦИНСКОЙ ПИЯВКИ В ОРГАНОТИПИЧЕСКОЙ КУЛЬТУРЕ СПИНАЛЬНЫХ ГАНГЛИЕВ.....156

78. Солиев А.Б., Эномото К. Адылова А.Т. ВЫДЕЛЕНИЕ ИНДИВИДУАЛЬНЫХ МЕТАБОЛИТОВ, ПРОДУЦИРУЕМЫХ БАКТЕРИАЛЬНЫМ ШТАММОМ PSEUDOALTEROMONAS 1020R.....158

79. Солиев А.Б., Эномото К., Адылова А.Т. ОПРЕДЕЛЕНИЕ РОДОВОЙ ПРИНАДЛЕЖНОСТИ БАКТЕРИАЛЬНОГО ШТАММА 1020R НА ОСНОВЕ ГЕНА 16S РНК.....160

80. Тураев О.С., Нормаматов И.С., Холмуродова М.М., Бойқобилов У.А., Аллаяров Х.Н., Худойқулов С.Х., Қуйсинова Ю.М., Амиров И.Б., Кушанов Ф.Н. УАК-ПОПУЛЯЦИЯСИ ОТА-ОНА ГЕНОТИПЛАРИНИНГ ЎЗАРО ГЕНЕТИК ХИЛМА-ХИЛЛИГИ ВА ФИЛОГЕНЕТИК МУНОСАБАТИЛАРИ.....161

81. Таиров Ж. Э., А.Т.Рахимов ИССЛЕДОВАНИЕ ЭФФЕКТИВНОСТИ ПРОБИОТИКА «ЛАКТО-ВЕТ» ПРИ ВВЕДЕНИИ В РАЦИОН КОРМЛЕНИЯ КУР.....164

82. Убайдуллаева Х.А., Камбурова В.С., Назарова Е.Ф., Абдурахмонов И.Ю. ТРАНСКРИПЦИОННОЕ РЕГУЛИРОВАНИЕ ИНИЦИАЦИИ ВОЛОКНА ХЛОПЧАТНИКА.....166

83. Убайдуллаева Х.А., Камбурова В.С., Назарова Е.Ф., Абдурахмонов И.Ю. ИСПОЛЬЗОВАНИЕ ГЕНОМНЫХ ТЕХНОЛОГИЙ ДЛЯ УЛУЧШЕНИЯ КАЧЕСТВА ХЛОПКОВОГО МАСЛА.....168

84. Холмурадова М.М., Тураев О.С., Нормаматов И.С., Набиев С.М., Кушанов Ф.Н. УАК ПОПУЛЯЦИЯСИ ОТА-ОНА ГЕНОТИПЛАРИНИ ҚУРҒОҚЧИЛИК ШАРОИТИДА АЙРИМ МОРФО-ХЎЖАЛИК БЕЛГИЛАРИНИ ТАДҚИҚ ЭТИШ.....170

85. Хўжамшукуров Н.А., Абдуллаев Х.О., Абдумаликова Ф.А., Рамазонов Н.Ш. МИКРОСУВЎТЛАРИНИНГ БИОЛОГИК ФАОЛ МОДДАЛАРИ ТАҲЛИЛИ…….....172

86. Хусенов Н.Н., Макамов А.Х., Тураев О.С., Дарманов М.М., Норбеков Ж.К., Хуршут Э.Э. ҒЎЗАНИНГ 16-ХРОМОСОМАСИ АЛМАШТИРИЛГАН РИЛ ПОПУЛЯЦИЯСИДА АГРОНОМИК КЎРСАТКИЧЛАРИНИНГ СТАТИСТИК ТАҲЛИЛИ.....174

87. Хусенов Н.Н., Тураев О.С., Норбеков Ж.Қ., Нормаматов И.С., Аллаяров Х.Н., Бойқобилов У.А., Худойқулов С.Х., Шержанова И.К., Кушанов Ф.Н. ГЕНЛАРНИ ПИРАМИДАЛАШ УСУЛИДА ҒЎЗАНИНГ ТОЛА СИФАТИ ВА ФУЗАРИОЗЛИ ВИЛТ КАСАЛЛИ ГИГА ЧИДАМЛИК ЛОКУСЛАРИНИ БИР ГЕНОТИПГА ЖАМЛАШ.....175

88. Шарипова В.К. АНАТОМО-МОРФОЛОГИЧЕСКОЕ СТРОЕНИЯ ЛИСТЬЕВ MEDICAGO SATIVA L. ПРОИЗРАСТАЮЩИХ В РАЗЛИЧНЫХ ЭКОЛОГИЧЕСКИХ УСЛОВИЯХ.....177

89. Юсупбеков А. А., Ибрагимов А.А., Эгамбердиев Д.М., Мадияров Б.Т. ТАРГЕТНАЯ ТЕРАПИЯ РАКА ИЛИ АДРЕСНАЯ ДОСТАВКА ЛЕКАРСТВЕННЫХ СРЕДСТВ ОПУХОЛЕВЫМ КЛЕТКАМ НА ОСНОВЕ АПТАМЕРОВ.....179

90. Юсупов Улуғбек Карим ўғли RHODOTORULA ОИЛАСИГА МАНСУБ АЧИТҚИ ЗАМБУРУҒЛАРИНИНГ СУЮУҚ СУСЛО ОЗУҚА МУХИТИДА КАРОТИНОИДЛАР ТЎПЛАШИНИ ЎРГАНИШ.....181

91. Юсупова У.Ю., Шералиев М.М., Рамазонов Н.Ш. ФИТОЭКДИСТЕРОИДЫ РАСТЕНИЯ STACHUS HISSARICA 182

II. ГЕНЕТИКА РАСТЕНИЙ И ЖИВОТНЫХ

92. Бобохужаев Ш У., Санамьян М.Ф. ЦИТОЛОГИЧЕСКОЕ ИЗУЧЕНИЕ МЕЖВИДОВЫХ ГИБРИДОВ F1 С ЗАМЕЩЕНИЯМИ ОТДЕЛЬНЫХ ИДЕНТИФИЦИРОВАННЫХ ХРОМОСОМ ВИДА GOSSYPIUM BARBADENSE L 184

93. Эргашева И., Холмуротов М. ҚОЯ АРЧАСИНИНГ (JUNIPERUS SCOPOLURUM) ИСТИҚБОЛЛИ НАВЛАРИ СЕЛЕКЦИЯСИ ИДЕНТИФИКАЦИИ ОТДЕЛЬНЫХ ХРОМОСОМ ХЛОПЧАТНИКА С ПОМОЩЬЮ МЕТОДОВ ЦИТОГЕНЕТИЧЕСКОГО И МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКОГО АНАЛИЗА.....186

94. Мавлянов И.Р., Юлчиев С.Т. ГЕНОТИП СПОРТСМЕНА И ЕГО ВЗАИМОСВЯЗЬ ПОВЕДЕНЧЕСКИМ КОМПОНЕНТОМ МОДЕЛИ ЛИЧНОСТИ…….188

95. Мавлянов И.Р., Махмудов Д.Э. СПОРТИВНЫЕ ГЕНЫ У ФУТБОЛИСТОВ И ИХ ВЗАИМОСВЯЗЬ С ПОКАЗАТЕЛЯМИ ФУНКЦИИ ВНЕШНЕГО ДЫХАНИЯ……....190

96. Макамов А.Х., Воҳидов С.Т., Баратов Н.Б., Қўйсинова Ю.М., Дуланазаров А.А., Холмурадова М.М., Бойқобилов У.А., Буриев З.Т., Абдурахмонов И.Ю. ҒЎЗАНИНГ CS-B17 ЛИНИЯСИ ИШТИРОКИДА ЯРАТИЛГАН РИЛ ПОПУЛЯЦИЯСИДА ТОЛА СИФАТ КЎРСАТКИЧЛАРИНИ ҚИЁСИЙ ТАҲЛИЛИ.....191

97. Матяқубов С.К.,Санамян М.Ф., Намазов Ш.Э., Бобохужаев Ш.У. ҒЎЗАНИНГ МУРАККАБ ТУРЛАРАРО ЧАТИШТИРИБ ОЛИНГАН ДУРАГАЙЛАРИДА АЙРИМ ЦИТОГЕНЕТИК ТАҲЛИЛЛАР.....193

98. Мирзоёқубов К.Э., Маманазаров Ш.И., Муҳаммадов Й.А., Норбобоева Р.Б. “ПОРЛОҚ-3” ҒЎЗА НАВИ УРУҒЧИЛИГИДА ХЎЖАЛИК ҚИММАТЛИ БЕЛГИЛАРИНИНГ ВАРИАЦИОН ТАҲЛИЛИ.....195

99. Муҳаммадов Й.А., Маманазаров Ш.И., Мирзаёқубов К.Э., Макамов А.Х.,Тураев О.С., Хусенов Н.Н., Буриев З.Т., Абдурахмонов И.Ю. ҒЎЗАНИНГ 14-ХРОМОСОМАСИГА (CS-B14SH) ХОС БЎЛГАН РИЛ ПОПУЛЯЦИЯСИДА АГРОНОМИК КЎРСАТКИЧЛАРНИ БАҲОЛАШ.....197

100. Мирабдуллаев И.М., Абдулов И.А. РОЛЬ МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИХ МЕТОДОВ В ПОСТРОЕНИИ ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКОЙ СИСТЕМЫ ЭВКАРИОТНЫХ ОРГАНИЗМОВ……..……...200

101. Набиев С.М.,Чоршанбиев Н.Э.,Хамдуллаев Н.Э. ИНГИЧКА ТОЛАЛИ ҒЎЗА НАВЛАРИНИНГ F_1 АВЛОДИДА “БИТТА ЎСИМЛИКДАГИ КЎСАКЛАР СОНИ” БЕЛГИСИНИНГ ИРСИЙЛАНИШИ ВА НАВЛАРНИНГ КОМБИНАЦИОН ҚОБИЛИЯТИ.....202

102. Санаев Н.Н. *G.HIRSUTUM* L. ТУРИ НАВ НАМУНАЛАРИНИНГ СУВ ТАНҚИСЛИГИГА БАРДОШЛИЛИГИНИ ЎРГАНИШДА ДУРАГАЙЛАШ МУДДАТЛАРИНИ БЕЛГИЛАШ 204

103. Санамьян М.Ф., Бобохужаев Ш.У. РАСШИРЕНИЕ ВОЗМОЖНОСТЕЙ ИДЕНТИФИКАЦИИ ОТДЕЛЬНЫХ ХРОМОСОМ ХЛОПЧАТНИКА С ПОМОЩЬЮ МЕТОДОВ ЦИТОГЕНЕТИЧЕСКОГО И МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКОГО АНАЛИЗА…….....206

104. Umarov Bakhtiyor PHYLOGENETIC ANALYSIS OF THE 16S rRNA GENE OF NODULE BACTERIA STRAINS OYABEAN.....208

105. Шукруллозода Р.Ш. ПРИЧИНЫ ДОЛГОЛЕТИЯ……..…210

106. Юнусханов Ш. ОТЗЫВЧИВОСТЬ НЕКОТОРЫХ СОРТОВ И ОБРАЗЦОВ ГЕРМПЛАЗМЫ ХЛОПЧАТНИКА К ПРЕДПОСЕВНОЙ ЗАКАЛКЕ СЕМЯН НА РАЗЛИЧНЫЙ РЕЖИМ ПОЛИВА……..212

III. БИОТЕХНОЛОГИЯ

107. Акрамова М.Б. ИСПОЛЬЗОВАНИЕ ТЕХНОЛОГИИ 3D-БИОПРИНТИНГА ДЛЯ ВЫРАЩИВАНИЯ ИСКУСТВЕННЫХ ЧЕЛОВЕЧЕСКИХ ОРГАНОВ.....214

108. Артикова Р.М., Тураева Д.А. Ибрагимова Н.М. ФИТОПАТОГЕНЛАРНИНГ МИКРООРГАНИЗМ АНТОГОНИСТЛАРИ……....216

109. Бабаджанова Ф.И., Буриев З.Т., Убайдуллаева Х.А. КАРТОШКА (*SOLANUM TUBEROSUM L.*) НИНГ ФИТОХРОМ Б ГЕНИ АСОСИДА РНК-

ИНТЕРФЕРЕНЦИЯСИ ЁРДАМИДА БИОТЕХНОЛОГИК ЛИНИЯЛАРНИ ОЛИШ……....218

110. Бабаджанова Ф.И., Убайдуллаева Х.А. Буриев З.Т., Ахмадалиева М.Ш., Эшмирзаев Ж.Б. КАРТОШКА *(SOLANUM TUBEROSUM L.)* НИНГ СОМАТИК ЭМБРИОГЕНЕЗ ТЕХНОЛОГИЯСИДА ФОЙДАЛАНИЛАДИГАН ЭКСПЛАНТ ТУРЛАРИ.....219

111. Бикметова Д.Б., Нуриддинов А.Ш., Пратов Ф.Ф., Салахутдинов И.Б. ИСПОЛЬЗОВАНИЕ БИОТЕХНОЛОГИИ В ЗАЩИТЕ РАСТЕНИЙ….....…221

112. Зайнитдинова Л.И., Вохидова Н., Куканова С.И., Жураева Р.Н. БИОТЕХНОЛОГИЧЕСКИЕ АСПЕКТЫ ПОЛУЧЕНИЯ НАНОЧАСТИЦ СЕРЕБРА И МЕДИ БАКТЕРИЯМИ РОДА *PSEUDOMONAS*……....…….223

113. Закирьяева С.И., Джуманиязова Г.И., Арипов Т.Ф. ВЛИЯНИЕ МИНЕРАЛЬНЫХ И БИОМИНЕРАЛЬНЫХ УДОБРЕНИЙ НА КОРНЕОБРАЗОВАНИЕ, РОСТ И РАЗВИТИЕ ОЗИМОЙ ПШЕНИЦЫ….....…224

114. Закирьяева С.И., Махамедов А.М., Шоамиров И.Т., Джуманиязова Г.И. ИММОБИЛИЗАЦИЯ КЛЕТОК *BACILLUS SUBTILIS* BS-26 НА УНИВЕРСАЛЬНЫХ КОМПЛЕКСНЫХ УДОБРЕНИЯХ И ИХ СОХРАННОСТЬ…….....226

115. Зохидова Ш.Г., Бабаджанова Л. , Хван К.П., Сагдуллаева Ш.Р., Касимова Г.М., Магай Е.Б. ИННОВАЦИОННЫЕ НАПРАВЛЕНИЯ В ОБЛАСТИ ПРИМЕНЕНИЯ БАКТЕРИЙ *BACILLUS THURINGIENSIS*…….....228

116. Кадирова З.А., Мавлоний М.И. АСПОРОГЕННЫЕ ДРОЖЖИ ОВОЩНЫХ КОНСЕРВНЫХ ПРОДУКТОВ ……...230

117. Кадирова З.А., Ташмухамедова Ш.С., Маджидова Р.Х. ВЫДЕЛЕНИЕ ВИРУСА ТШ-ВТМ ИЗ РАСТЕНИЯ *PHYSALISA ALKEKENGI*……..……..…232

118. Қодирова Г.Х., Шакиров З.С., Абдуллаев А.К., Сафаров И.В., Хамдамова Н.А. ДИАЗОТРОФЛАРНИНГ МАҲАЛЛИЙ ШТАММЛАРИ – ШОЛИ ЎСИМЛИГИНИНГ БИОСТИМУЛЯТОРЛАРИДИР.....234

119. Комилова Ш.А., Дадамуҳаммедов Х,А., Мирхўжаева М.У. CALLIPHORA ЛИЧИНКАЛАРИ АСОСИДА БИОТЕХНОЛОГИЯНИ РИВОЖЛАНТИРИШДА ФОЙДАЛАНИШ.....236

120. Муродова С.С., Давранов К. БИОТЕХНОЛОГИЯ ПРОИЗВОДСТВА СТРЕСС УСТОЙЧИВОГО, КОНКУРЕНТОСПОСОБНОГО ПРЕПАРАТА НА ОСНОВЕ МЕСТНЫХ ШТАММОВ РИЗОБАКТЕРИЙ С КОМПЛЕКСНЫМИ СВОЙСТВАМИ……....238

121. Насырова Г.Б., Сабирова М.Ш., Сайфиева Х., Жангирова Н., Холмуратов Э.Г. ВЛИЯНИЕ ФОТОПЕРИОДА НА ПРОЦЕСС КЛУБНЕОБРАЗОВАНИЯ ПРИ КУЛЬТИВИРОВАНИИ КАРТОФЕЛЯ *IN VITRO*……240

122. Новичкова А.А., Артикова Р.М., Тураева Д.А. МИКРОБ АНТАГОНИСТЛАР ВА УЛАРНИ ЎСИМЛИКЛАРНИ ҲИМОЯ ҚИЛИШДА ҚЎЛЛАШ.....242

123. Новичкова А. А., т.ф.н. доц. Чориев А. Ж ПРОЕКТИРОВАНИЕ РЕЦЕПТУРЫ КОЛБАСНЫХ ИЗДЕЛИЙ СЛОЖНОГО СЫРЬЕВОГО СОСТАВА……..……..……...244

124. Норбобоева[1] Р.Б., Примова[2] Ф.Р. *ACHILLIA FILIPENDULINA, EREMECUS LGAE* ВА *ALLIUM POTENSUM* ЛАРИНИ КЎПАЙТИРИШ ВА УЛАРНИ “ЎТ ЎСИМЛИКЛАР СИСТЕМАТИКАСИ” ТАЖРИБА МАЙДОНИДАГИ ХОЛАТИ.....246

125. Овлакулов С.Т., Каршиев Т.О., Зокиров Б.У. ТЕХНОЛОГИЯ ПОЛУЧЕНИЯ СОЕВОГО БЕЛКОВОГО ИЗОЛЯТА……...……..248

126. Сабирова М.Ш., Насырова Г.Б., Собирова Ф., Мавлонова Ш. ОПРЕДЕЛЕНИЕ ВЛИЯНИЯ ПОВЫШЕННЫХ КОНЦЕНТРАЦИЙ ХЛОРИДА НАТРИЯ НА ПРОЦЕСС КЛУБНЕОБРАЗОВАНИЯ ПРИ КУЛЬТИВИРОВАНИИ КАРТОФЕЛЯ *IN VITRO*……...250

127. Султонова Ш.А., Убайдуллаева Х.А., Буриев З.Т. СОЗДАНИЕ НОВЫХ БИОТЕХНОЛОГИЧЕСКИХ ЛИНИИ ПШЕНИЦЫ С ПОМОЩЬЮ RNAi ТЕХНОЛОГИИ.....251

128. Холмуратов Э.Г., Насырова Г.Б., Сабирова М.Ш., Сатывалдиева Н., Эдилова Г.Э. КОНТРОЛИРУЕМОЕ РЕВЕРСИВНОЕ ИНГИБИРОВАНИЕ ПРОЦЕССА ПРОРАСТАНИЯ МИКРОКЛУБНЕЙ КАРТОФЕЛЯ, ПОЛУЧЕННЫХ *IN VITRO*……...……..254

129. Чориев А.Ж., Ортикова М.Ж., Артикова Р.М. ПРОБИОТИКЛАРНИ ОЗИҚ-ОВҚАТ САНОАТИДА ҚЎЛЛАШ ПРОБИОТИКЛАРНИ ОЗИҚ-ОВҚАТ САНОАТИДА ҚЎЛЛАШ.....256

130. Шарафутдинова Н.П., Мирзаева Д.А., Мирхўжаева М.У. ВЛИЯНИЕ УСЛОВИЙ ВЫРАЩИВАНИЯ НА УРОЖАЙНОСТЬ СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННЫХ РАСТЕНИЙ…….....258

I. ГЕНОМИКА, ПРОТЕОМИКА И БИОИНФОРМАТИКА

К МЕХАНИЗМУ ЦИТОТОКСИЧЕСКОГО ДЕЙСТВИЯ НЕКОТОРЫХ НОВЫХ ПРОИЗВОДНЫХ ТРОПОЛОНОВЫХ АЛКАЛОИДОВ

Абдирова А.Ч., Ибрагимов А.А., Еникеева З.М.

Республиканский специализированный научно-практический медицинский центр онкологии и радиологии (РСНПМЦОиР)
700174, Ташкент, ул. Фароби 383
arzaima@mail.ru

Исследования последних лет привели к формированию новых представлений о механизме гибели клеток, имеющих повреждения ДНК. Заметное нарушение систем репарации с отражением в повреждении ДНК приводят клетку к гибели в результате нарушения функций всех биохимических систем из-за невозможности полноценной транскрипции генов, содержащих дефекты в матрице ДНК

Целью исследования было изучение влияния новых производных тополоновых алкалоидов К-50, К-60, К-61, проявивших высокую противоопухолевую активность, на синтез НК, активность топоизомеразы II и экспрессию мышиного гена лекарственной устойчивости MDR2 на опухоли саркома-180 в сравнение с этопозидом.

Методы. К суспензии клеток опухоли Саркома 180 в 96-луночных планшетах добавляли препараты в концентрации 50(К-50), 70(К-61) и 22мкг/мл (К-61)и инкубировали 2ч, при 37^0С и 5% CO_2 в CO_2 инкубаторе, количество выделенных ДНК и РНК измеряли на СФ-26. Межнуклеосомную деградацию ДНК оценивали посредством электрофореза ДНК в 1,5% агарозном геле. Из опухолевой ткани под воздействием каждого препарата были получены тотальные препараты РНК, затем методом обратной транскриптазы были получены мРНК и синтезированы кДНК (экспрессия MDR2/ОТ ПЦР).

Результаты. Синтез ДНК в опухоли саркомы 180 (in vitro), К-50, К-60, К-61 и этопозид ингибировали на 60%, 75%, 80% и 65% соответственно. Синтез РНК опухоли К-50, К-60, К-61 и этопозид ингибировали на 70%, 65%, 70% и 54%. Так же наблюдается деградация межнуклеосомной ДНК под влиянием изучаемых препаратов на 80-90%, под действием этопозида на 70%. Целостность ДНК зависит от активности топоизомеразы II, которая ингибирована на 55, 60 и 75% препаратами К-50, К-60, К-61, под действием этопозида на 55%. Действие препаратов на экспрессию гена лекарственной устойчивости MDR2 было следующим: К-50 -20%, К-60-22%, К-61-15% по сравнению с повышенным уровнем MDR2 этопозида (35%). При исследовании экспрессии опухолевого супрессора p53 опухоли in vitro, К-50, К-60, К-61 и этопозид ингибировали экспрессию p53 на 40%, 35%, 50% и 20% соответственно

Вывод. Противоопухолевые препараты К-50, К-60, К-61 способствуют низкому уровню развития МЛУ, по-видимому, из-за значительного ингибирования активности топоизомеразы II, а также межнуклеосомной деградации ДНК. Грант РУз ФДСС12-7.

НОВЫЕ ВОДОРАСТВОРИМЫЕ СУПРАМОЛЕКУЛЯРНЫЕ КОМПЛЕКСЫ ГЛИЦИРРИЗИНОВОЙ КИСЛОТЫ С ПРОИЗВОДНЫМИ КОЛХАМИНА К-14 И К-2

Агзамова Н.А, Еникеева З.М.,Холтураева Н.Р, Алиева Д.А., Дильмуродова М.

Республиканский специализированный научно-практический медицинский центр онкологии и радиологии (РСНПМЦОиР),
700174, Ташкент, ул. Фароби 383
Yenikeevazm@gmail.com

Актуальным направлением в разработке более эффективных противоопухолевых препаратов является создания новых малотоксичных, растворимых в воде и, в связи с этим, с увеличением биодоступности препаратов как для лечения лейкозов (гематология), так и солидных опухолей (онкология). Известно, что глицирризиновая кислота (ГК) и её соли образует

со многими лекарственными субстанциями супрамолекулярные комплексы хорошо растворимые в воде. Все исследователи отмечают очень низкую токсичность препаратов (ГК, МАСГК и их производных), созданных на их основе. Ранее нами разработаны и предложены для применения ряд противоопухолевых препаратов и радиосенсибилизаторов, получаемых из трополонового алкалоида колхамина: колхаминол (К-19), получаемый из неводорастворимого основания К-14 и К-2. У К-14 и К-2 высокие показатели противоопухолевой активности, однако они не растворимы в воде и, следовательно, очень плохо выраженная биодоступность. Для увеличения биодоступности лекарственных препаратов, созданных на основе колхамина, снижения токсичности и, возможно, снижения других побочных эффектов разрабатываются комплексы этих препаратов с ГК и ее солями. Целью настоящего данной работы было получение новых комплексов ГК с производными колхамина и изучение их токсичности в сравнении с исходными препаратами

Для получения новых комплексов ГК растворяют в 50% этиловом спирте и смесь перемешивают при комнатной температуре до полного растворения, затем прибавляют К-14 (К-2) растворенного в небольшом объеме этилового спирта в соотношении ГК: К-14 (К-2) 1:2, и реакционную смесь перемешивают в течение 6-12 часов. Спирт удаляют в ротационном испарителе, водную часть лиофилизируют. Выход №1 78%. Т.пл. 208^0 С, на ТСХ R_f №1 (ГК: К-2) равен 0,4, в отличие от R_f К-2, равный 0,6 в системе 3(хлороформ-ацетон-бензол-метанол 20:4:5:8)(силикагель). Сравнение ИК спектров исходного К-2 и полученного комплекса №1 показывает резкое увеличение интенсивности полосы 3400-3440 $см^{-1}$, что свидетельствует об аддитивном эффекте большего количества амино и ОН-групп, имеющихся у ГК и К-2, изменение в области деформационных колебаний NH-связи в спектре №1, а также частоты колебаний карбонила трополонового кольца, которые смещаются с 1489 и 1600 $см^{-1}$ до 1703 и 1647 $см^{-1}$ у соединения №1. Полученные сведения позволяют сделать заключение об участии в координации у полученного

комплекса азота вторичной аминогруппы К-2, поскольку она обладает большей донорной способностью, чем другие заместители, а также карбонила трополонового кольца.

Получение нового комплекса ГК с К-14(№2) проводится аналогично. Выход №2 составил 83%.Т.пл. 211^0 С, на ТСХ R_f №6 равен 0,2, в отличие от R_f К-14 , равный 0,8 в системе 3(силикагель). Образование нового комплекса подтверждается появлением новых групп полос, характерных для ОН и СО-групп в области 3500-3200 и 1723 $см^{-1}$, полностью отсутствующих в спектре К-14, а также уширением полос ИК-спектра комплекса. Таким образом, данные ИК-спектров, т.пл. и ТСХ дают возможность судить, что соединение №2 -это супрамолекулярный комплекс К-14 с ГК.

Изучение острой токсичности полученных комплексов на беспородных мышах показало, что $ЛД_{50}$ комплекса 1 снижена в сравнении с К-2, $ЛД_{50}$ которого составляет 840мг/кг, в 1,8 раз (1520мг/кг), а комплекса 2 снижена в 3,8 раза (680мг/кг) в сравнении с исходным К-14($ЛД_{50}$ 180мг/кг). Таким образом, у новых полученных комплексов определяется резкое снижением их токсичности в 1,8-3,8 раза в сравнении с исходными соединениями и растворимость в воде.

ВЛИЯНИЕ СОЕДИНЕНИЙ К-48 И К-42 НА ИНДУКЦИЮ КОЕс

Алиева Д.А., Еникеева З.М., Ибрагимов А.А., Карпышева И.В.

Республиканский специализированный научно-практический медицинский центр онкологии и радиологии (РСНПМЦОиР),
700174, Ташкент, ул. Фароби 383
alieva@yandex.ru

Введение. Гемопоэтические факторы роста - это большое "семейство" цитокинов, ответственных за регуляцию пролиферации, дифференцировки и функциональные особенности всех ростков гемопоэза. Многие из этих цитокинов играют важную роль не только в гемопоэзе, но во многих биологических процессах, а в частности в иммуномодуляции. Наиболее известные гемопоэтические факторы роста зарегистрированы для применения и использования в клинической практике во всем мире: гранулоцитарный

колониестимулирующий фактор (Г-КСФ) и грануломоноцитарный КСФ (ГМ-КСФ).

Изучено влияние на КОЕс 15-ти новых цитостатиков, производных трополоновых алкалоидов, а также исходных колхицина и колхамина в сравнении с облученным контролем. У новых цитостатиков изучалась возможность стимуляции после лучевого воздействия пула стволовых кроветворных клеток (СКК), которые дают различные ростки кроветворения и обладают выраженной способностью стимулировать образование селезеночных колоний, изучалась

Целью настоящего исследования выяснение влияния соединений на индукцию КОЕс, а также на состояние костного мозга и периферической крови после лучевого воздействия после воздействия К-48 и К-42.

Методы исследования. Для изучение влияния соединений на численность эндогенных колониеобразующих единиц в селезенке (КОЕс) проводили облучение мышей линии BALB/c на аппарате "АГАТ-РМ" в дозе 8-8,5 Гр, мощность дозы 1,1 Гр.мин, затем однократно вводили препараты в дозах 1 мг/кг и в ТД в/бр и на 9-е сутки после облучения изучали образовавшиеся колонии в селезенке по методике (Till J.E., Mc. Culloch E.A., 1961; Петров Р.В., Чередеев А.Н. 1974).У животных производился забор костного мозга для определения клеточности костного мозга бедра, выделялись селезенки для определения количества эндогенных колоний (КОЕс), определялись гранулоциты и лейкоциты.

Результаты. Все 15 производных трополоновых алкалоидов вызывали индукцию КОЕс от 5,5 до 60 ед, причем при введении дозы 1 мг/кг стимуляция КОЕс под воздействием препаратов была выше (от 8 до 60 ед), чем при введении терапевтической дозы- от 5,5 до 40 ед. Наиболее интенсивно стимуляция КОЕс происходила под действием К-48 (60 и 40ед), К-42 (29 и 12), К-1(8 и 15ед), К-20(26 и 19,5), К-23 (34 и 16 ед), К-50(20 и 16 ед), К-60(16 и 20,5), К-61 (19,5 и 23,5 ед), эти 8 веществ также не снижали иммунитет после проведенного лечения. Наибольшей стимулирующей способностью на

выход колониеобразующих единиц, обладает вещество К-48, причем в широком диапазоне концентраций.

Применение лучевой терапии приводит к резкому угнетению гемопоэтической системы: количество кариоцитов в костном мозге снижается от 20,2- в контроле до 4,5. В периферической крови лейкоциты снижаются в 3,4 раза, гранулоциты-в 21 раз, но количество КОЕс растет в 2,5 раза. К-48 увеличивает количества КОЕс по сравнению с контролем в 24-34 раза, К-42 в 5-6 раз, оба препарата способствует регенерации клеток костного мозга, восстанавливают состояния периферической крови после лучевого воздействия.

Выводы. К-42 и, в большей мере, К-48 являются индукторами пролиферации КОЕ-с и могут быть использованы для коррекции иммунной системы и гемопоэза, после проведенной лучевой и химиотерапии, причем доза применяемых веществ – 1 мг/кг – не вызывает никаких токсических проявлений. По-видимому, К-48 является индукторами колониестимулирующего фактора на одном из этапов дифференцировки стволовых клеток. Кроме того, К-48 может стать веществом, способным восстанавливать организм с угнетенным кроветворением после химио- и радиотерапии, причем его применение для этих целей возможно в минимальных дозах, не вызывающих токсических проявлений (1,0 мг/кг).

ЧИГИТ ТАРКИБИДАГИ (+)-ГОССИПОЛ МИҚДОРИ ВА КЎСАК ҚУРТИ БИЛАН ЗАРАРЛАНИШ ДАРАЖАСИ ОРАСИДАГИ БОҒЛИҚЛИКЛАР

Амантурдиев И.Ғ., Намазов Ш.Э.

Пахта селекцияси, уруғчилиги ва етиштириш агротехнологиялари ИТИ
111218, Ўзбекистон, Тошкент вилояти, Қибрай тумани, Университет кўчаси
amanturdiyev.i@gmail.com

Маълумки, белгилар орасидаги корреляция турли даражада бўлиб, дурагайлашда улар ўртасидаги корреляция йўналиши ва қийматининг турли тарафга ўзгариши селекция ишининг муваффақиятини белгилайди. Турли хил

дурагайлаш тизимида олинган, жумладан, тур ичида эколого-географик ва генетик узоқ шаклларни дурагайлаш орқали яратилган дурагайларда қимматли хўжалик белгилар орасидаги корреляциялар ўрганилган. Бироқ, чигитдаги госсипол шакллари ва миқдорининг айрим касаллик ва зараркунандалар билан корреляцияси, айниқса кўсак қурти (*Helicoverpa armigera*)га бардошлилиги билан боғлиқлик даражаси аниқланмаган. Шуни назарда тутган ҳолда, тажрибаларимизда яратилган чигитида турлича (+)-госсипол миқдорига эга айрим эколого-географик ва генетик узоқ дурагайларининг кўсак қурти билан зарарланиш даражаси орасида боғлиқликлар қай тарзда мавжудлиги таҳлил қилинди.

Ғўзанинг кўсак қурти (*Helicoverpa armigera*)га бардошлилигини намоён қилувчи турли омиллар ва усуллар ҳақида маълумотлар келтирилган. Бироқ, селекция жараёнининг муваффақиятли чиқиши учун ғўза ўсимлигининг зараркунандалар билан боғлиқлик механизмларини ўрганиш ва минтақамизда ғўзанинг кўсак қуртига чидамлилиги ўртасидаги ўзаро муносабатини ўрганиш лозим.

Юқоридагиларни инобатга олган ҳолда, чигити таркибида (+)-госсипол миқдори турлича бўлган F_3 дурагайларининг кўсак қурти билан зарарланиш даражаси ҳамда (+)-госсипол белгилари орасидаги корреляция коэффициентлари ўрганилди.

Ушбу авлодда ўрганилган белгилар орасида деярли яққол боғлиқлик намоён бўлганлигини кўришимиз мумкин. Ўрганилган 17 та янги F_3 дурагайлари чигитидаги (+)-госсипол миқдори ва кўсак қурти билан зарарланиш даражаси орасидаги боғлиқликлар F_3Сурхон-14 x BC_3S_1-1-6-3-15, F_3Бухоро-8 x BC_3S_1-1-6-3-15 ва F_3Т-16/04 x BC_3S_1-47-8-1-17 дурагайларида кучли салбий (тегишли равишда r=-0,71; r=-0,69; r=-0,67), F_3Т-10/04 x BC_3S_1-1-6-3-15 дурагайида эса кучсиз салбий (r=-0,12) корреляция коэффициентига эга бўлди.

Ўрганилган дурагайларнинг кўсак қурти билан зарарланиш даражаси ва чигитдаги турли миқдордаги (+)-госсипол белгилари ўртасидаги боғлиқлик, яъни, корреляция коэффициентлари бўйича олинган маълумотлар таҳлили

асосида дурагайларнинг юқори авлодларида кучли трансгрессиянинг рўй бериши, селекция жараёнида кўп марталик якка танловнинг олиб борилиши ҳамда белгиларнинг ижобий мажмуасига эга рекомбинантларни танлаш мумкинлиги ушбу белгиларни бошқарувчи генларнинг бир-бирига боғлиқ бўлмаган ҳолда ирсийланишининг таъсири эканлигини хулоса қилиш мумкин.

ҒЎЗА ДУРАГАЙЛАРИДА ИЛДИЗ ЧИРИШ КАСАЛЛИГИГА (*RHIZACTONIA SOLANI*) ЧИГИТДАГИ УМУМИЙ ВА (+)-ГОССИПОЛ МИҚДОРЛАРИНИ ТАЪСИРИ

Амантурдиев И.Ғ., Рахимов Т.А., Намазов Ш.Э.

Пахта селекцияси, уруғчилиги ва етиштириш агротехнологиялари ИТИ
111218, Ўзбекистон, Тошкент вилояти, Қибрай тумани, Университет кўчаси
amanturdiyev.i@gmail.com

Илдиз чириш касаллигини қўзғатувчи микроорганизмлар орасида *Rhizactonia aderholdii* (*solani*) бошқа микроорганизмларга нисбатан кўпроқ патогенлик хусусиятини намоён қилиши аниқланган. *Rhizactonia solani* замбуруғи тупроқда доимо сапрофит сифатида озиқланувчи тупроқ организмидир, лекин шароит қулай бўлиб қолганда маданий ўсимликларда паразит ҳолда ҳаёт кечира бошлайди. Шунинг учун, илдиз чириш касаллигининг келиб чиқиши замбуруғнинг ривожланишига имкон яратадиган омиллар комплексига ва унинг паразит ҳаёт кечиришига боғлиқ.

Бу касалликка бардошли навлар яратиш ва унинг генетик жиҳатдан ўрганиш борасида турли даврларда П.Г.Естифеев, А.М.Кашина, А.А.Ячевский, М.И.Касабудский, М.А.Каримов, О.Хасанов, А.Бобоназаров, В.А.Автономов, Б.Аллакуллиев, Д.Д.Ахмедов каби олимлар томонидан тадқиқотлар олиб борилган. Олимларнинг аниқлашича, бу касалликнинг ривожланиш даражаси тупроқ намлигига, унинг механик хоссаларига, кўкламги ҳароратга, ёғин миқдорига, уруғлик чигит ва тупроқни экишга тайёрлаш сифатига боғлиқ бўлади. Илдиз чириш касаллигини қўзғатувчи замбуруғларнинг ривожланиши учун қулай ҳарорат 10°С дан 30°С гача бўлиб ҳарорат пасайиб кетса, ниҳоллар суст ривожланади, уларнинг касаллик

қўзғатувчиларга нисбатан чидамлилиги камаяди, тез ва кўп зарарланади. Уруғлик чигитларнинг илдиз чириш касаллигига чалиниш даражаси тупроқнинг намлиги ҳаддан ташқари юқори бўлганда, чигит жуда чуқур экилганда, етилмаган ёки қобиғи шикастланган уруғлик ишлатилганда, қаттиқ ёмғир ёғиб, ер кўллаб қолганда айниқса катта бўлади.

Ўсимликларнинг чидамлилиги ўсиш шароитига қараб ўзгарсада, аслида у ирсий хусусият бўлиб наслдан - наслга муайян қонуниятлар орқали ўтказилади. Касалликларга чидамли навлар яратиш селекциясида тур ичида, географик узоқ шаклларни дурагайлаш, турлараро, туркумлараро дурагайлаш асосий ва самарали усуллардан ҳисобланади.

Юқоридагиларни инобатга олиб, тадқиқотларимизда турли госсипол миқдорига эга эколого-географик узоқ F_3 дурагайларининг илдиз чириш касаллигига бардошлилиги махсус сунъий муҳитда ота-она шакллари ҳамда назорат навлар билан қиёсий ўрганилди.

F_3 ўсимликларининг зарарланиш даражаси аввалги F_2 авлодга нисбатан юқори эканлиги аниқланди. Бироқ, $F_3BC_3S_1$-1-6-3-15 х С-6532 комбинациясига тегишли чигит таркибида (+)-госсипол миқдори турлича бўлишига қарамасдан илдиз чириш касаллигига толерант эканлигини кўрсатди. Бу натижалар эса илдиз чириш касаллигини (+)-госсипол миқдорига боғлиқ бўлмаган ҳолда шаклланишини яна бир бор тасдиқлади. Хусусан, паст (+)-госсиполли дурагай комбинацияларнинг илдиз чириш касаллиги билан зарарланиш даражаси 16,6% дан ($F_3BC_3S_1$-1-6-3-15 х С-6532) 47,6% гача ($F_3BC_3S_1$-47-8-1-17 х С-6530) ораликда бўлди. Ушбу қонуният чигит таркибидаги (+)-госсипол миқдорига боғлиқ бўлмаган ҳолда юқори (+)-госсиполли дурагай комбинацияларда ҳам кузатилди.

Яъни, хулоса қилиб айтганда, илдиз чириш билан касалланиш ушбу авлодда паст даражада ирсийланиши аниқланди. Хусусан, $F_3BC_3S_1$-47-8-1-17 х С-6530, $F_3BC_3S_1$-1-6-3-15 х С-6530 ва $F_3BC_3S_1$-47-8-1-17 х С-6532 комбинацияларининг чигит таркибидаги (+)-госсипол миқдори паст ёки

юқори бўлишидан қатьий назар, илдиз чириш (*Rhizactonia solani*) билан кучли даражада касалланиши аниқланди.

ИССЛЕДОВАНИЕ КОЛБАСНЫХ ПРОДУКТОВ НА СОДЕРЖАНИЕ ГМО

Абдираимова Х.М., Шерматов Ш.Э., Имамходжаева А.С.

Центр геномики и биоинформатики АН РУз
111215, Ташкентская обл., Кибрайский район, ул. Университетская, д. 2
x.abduraimova@genomics.uz

Генетически модифицированные организмы (ГМО) и продукты, полученные из них широко используются в рационе человека. Развитие новых технологий в области биологии привело к разработке десятки сортов генно-инженерных сельхозкультур, часть которых внедрены в производство. На сегодняшний день, генетически модифицированные сельхозкультуры высеваются на площади около 185 млн. га по всему миру. Путем манипуляции с генами растений исследователи повышают их устойчивость к болезням, насекомым и абиотическим стрессам, повышают урожайность, а также меняют вкусовые качества. В результате этого уменьшается потеря урожая на полях, что положительно сказывается на сельхозпроизводстве.

Однако, несмотря на положительные стороны ГМО и учитывая, что эти организмы выведены путем генетических манипуляций, в обществе имеется некоторая обеспокоенность относительно их биологической безопасности для живых организмов и человека. Исходя из этого, во многих странах разработано законодательство по регулированию использования ГМО в пищевых целях и созданы лаборатории по их молекулярной идентификации. Эти меры позволяют проводить мониторинг использования генетически модифицированных организмов и их продуктов.

В Узбекистане в настоящее время отсутствует Закон в области производства и использования ГМО, но ведутся работы по созданию

лабораторной и нормативной базы. Исходя из этого, проводится оптимизация методик и мониторинг пищевых продуктов на наличие ГМО.

Целью данного исследования был анализ колбасных изделий, реализуемых на рынках Узбекистана, на содержание ГМО. Объектами исследований были один образец копченой колбасы и четыре образца вареной колбасы, которые были произведены различными компаниями и приобретены на рынках Ташкента. Из образцов колбас была выделена геномная ДНК с помощью модифицированного метода CTAB. Для проведения молекулярного анализа методом полимеразной цепной реакции (ПЦР) были отобраны 5 праймерных пар (35S, NOS118, A2704 и A5547), которые широко используются для анализа продуктов питания на наличие ГМО. В результате проведения ПЦР среди всех использованных праймерных пар амплификация была обнаружена только у A5547, который успешно ампифицировал все образцы геномной ДНК. Дальнейший анализ данных показал, что во всех колбасных изделиях была использована трансгенная соя сорта A5547-127, которая является толерантной к гербициду. По данным Международной службы по мониторингу за применением агробиотехно-логий (www.isaaa.org), данный сорт сои разработан компанией Bayer Crop Science, культивируется в 6 странах, и используется в пищевых целях в 18 странах мира.

Таким образом, исследования показали, что в колбасных продуктах, производимых в Узбекистане, содержится ГМО, а использованный метод выделения ДНК можно успешно применять при молекулярном скрининге мясных изделий на наличие ГМО.

ОСОБЕННОСТИ НАРУШЕНИЯ ЭКСПРЕССИИ ГЕНА ТИРЕОГЛОБУЛИНА В КЛЕТКАХ ЩИТОВИДНОЙ ЖЕЛЕЗЫ В ПРОЦЕССЕ СТАРЕНИЯ

Абдугафурова Д.Г., Кадырова Д.А.

Институт биоорганической химии Академии наук Республики Узбекистан,
100125, Республика Узбекистан, г.Ташкент, ул. Мирзо-Улугбека 83
d.kadyrova1949@mail.ru

В процессе старения, при патогенезе тиреоидных заболеваний существуют различные молекулярные факторы: мутационные изменения в последовательностях ДНК, нарушение регуляции экспрессии гена тиреоглобулина (ТГ), нарушение сайтов метилирования в ТГ. При ряде заболеваний щитовидной железы содержание ТГ в тиреоидной ткани сильно изменяется, отмечаются изменения и в структуре ТГ. ТГ – основной белок, синтезируемый клетками щитовидной железы, играющий ключевую роль в метаболизме тиреоидных гормонов. Его молекулярная масса составляет 660 000 ДА.. С возрастом секреторная функция щитовидной железы снижается. Это связано с нарушением регуляции экспрессии гена ТГ у людей пожилого возраста. При старении также происходят небольшие количественные и качественные изменения ТГ. Низкий уровень ТГ при различных заболеваниях щитовидной железы и клеточном старении a priori можно объяснить нарушениями, происходящими на этапах регуляции биосинтеза белка.

Цель работы: изучение причин нарушений регуляции экспрессии гена ТГ при старении в клетках щитовидной железы пожилых людей при некоторых формах тиреоидной патологии. В качестве объекта исследований брали кровь и щитовидные железы пожилых людей по поводу некоторых форм тиреоидной патологии. Большинство заболеваний щитовидной железы обусловлено дефектами экспрессии гена ТГ, т.е. нарушениями сложных процессов, регулирующих синтез соответствующего белка. При заболеваниях щитовидной железы происходит нарушение регуляции экспрессии гена на всех уровнях, а именно: на уровне трансляции, транскрипции, процессинга

(созревание молекулы мРНК), на уровне выхода мРНК из ядра и вхождения мРНК в полирибосомы, на уровне метилирования молекулы ДНК.

Изучена структура хроматина путем использования фермента ДНКаза I. Появление в хроматине участков гиперчувствительных к ДНКазе I связано с транскрипционной активностью и предшествует началу транскрипции. Исходя из вышесказанного, представляло интерес изучить влияние различий в степени экспрессии гена ТГ при клеточном старении на структуру хроматина. Проведено изучение ДНКаза I – гиперчувствительности хроматина клеток щитовидной железы у пожилых людей при различной тиреоидной патологии. В качестве контроля наблюдались пожилые люди без нарушений щитовидной железы. В этом случае ядра выделяли из эпителиальных клеток слюны пациентов. Показано, что ДНКаза I – гиперчувствительность хроматина ядер пожилых людей при узловом эутиреоидном зобе уменьшается в 2 раза, по сравнению с пожилыми пациентами без патологии и наличие прямой корреляции между степенью экспрессивности гена ТГ и ДНКаза I – гиперчувствительностью хроматина ядер щитовидной железы пожилых людей при узловом эутиреоидном зобе, экспрессированные гены, являются более чувствительными к ДНКазе, чем неактивные гены. ДНКаза I – гиперчувствительность хроматина в изолированных ядрах по выходу гидролизуемой ДНК из ядер старых людей в возрасте 85 лет составила 45%, что 35% ниже, сравнению, с ДНКаза I – гиперчувствительностью молодых людей. Для понимания экспрессии гена ТГ важное значение имеет выяснение структурной организации функциональных свойств транскрипционно активных участков генома. Выяснение факторов, определяющих потенциально активное состояние гена ТГ, чрезвычайно важно для понимания молекулярных механизмов регуляции экспрессии данного гена в процессе клеточного старения

ҒЎЗАНИНГ F_1 АВЛОД МОНОСОМИК ДУРАГАЙЛАРИДА НУҚСОНЛИ ХРОМОСОМАЛАРНИ ДНК МАРКЕРЛАР ЁРДАМИДА ИДЕНТИФИКАЦИЯ ҚИЛИШ

Абдукаримов Ш.С.[1], Макамов А.Х.[1], Дарманов М.М.[1], Бобохужаев Ш.У.[2], Санамьян М.Ф.[2], Буриев З.Т.[1]

1 – Геномика ва биоинформатика маркази
Тошкент ваилояти Қибрай тумани Университет кўчаси 2 уй
2 – Мирзо Улуғбек номидаги Ўзбекистон Миллий Университети
Тошкент шахри Олмазор тумани Талабалар шаҳарчаси Университет кўчаси 4 уй
sharofiddinabdukarimov@gmail.com

Нормал организмларда хромосомалар тўплами жуфт ҳолатда бўлади. Организмлар хромосомалар тўпламининг биттага камайиши моносомик деб номланиб, бунда хромосомалар тўплами одатдагидек 2n эмас, балки 2n-1 бўлади. Масалан, *G.hirsutum* L. турида хромосомалар тўплами 2n=52 бўлса, 2n-1 ҳолатда 51 та хромосомага эга бўлади. Бундай ўсимликнинг соматик ҳужайраларида 51 та храмосома бўлганлиги учун мейозда 25 та бивалент ва 1 та унивалент (якка хромосома) ҳосил қилади ва хромосомалар қутбларга турлича тақсимланади. Моносомик ўсимликлар фақат ғўзада эмас, балки тамакида (Clausen, Cameron 1944), буғдойда (Sears, 1954) ва икки тур арпада аниқланган (Mc Ginnis, 1966, Morikawa, 1983).

Ўзбекистонда М.Ф. Санамьян раҳбарлигида ғўзанинг *G.hirsutum* L. турига мансуб Л-458 линияси (нормал, 2n=52) асосида 95 та моносомик линиялар олинган (Санамьян 2016). Ғўзада 5, 8, 11, 13, 19, 21 ва 24 хромосомалар бўйича моносомик ўсимликлар аниқланмаган (Stelly, 1993).

Ўзбекистон Миллий Университетида М.Ф.Санамьян ва Ш.У.Бобохужаевлар томонидан аниқланган *G. hirsutum* L. турига мансуб моносомик линиялар билан *G. barbadense* L. турига мансуб Pima 3-79 линиясини ўзаро чатиштириб олинган F1 авлод дурагайлари ичидан моносомик ўсимликлар цитогенетик таҳлил ёрдамида ажратиб олинган. Ушбу моносомик дурагайларда қайси хромосома бўйича моносомик эканлиги ва *G. barbadense* L. турининг қайси хромосомаси кўчиб ўтганлигини ДНК маркерлар ёрдамида аниқлаш мазкур тадқиқотнинг мақсади ҳисобланади.

Тадқиқот объекти сифатида ғўзанинг бир нечта биринчи авлод моносомик дурагайлари, уларнинг соғлом ота-она линиялари ва биринчи авлод дурагайи ҳамда барча хромосомаларга хос бўлган ДНК маркерлари танлаб олинди.

Дастлаб моносомик дурагай ўсимликларнинг геном ДНКлари CTAB усулида ажратиб олинди. Ажратиб олинган геном ДНКларнинг концентрациялари 0,9% агароза гелида визуал тарзда ишчи ҳолатга келтирилди. Сўнг ушбу геном ДНКларда моносомик хромосомаларни аниқлаш учун SSR (оддий такрорланувчи нуклеотидлар изчиллиги) маркерлар ёрдамида полимеразали занжир реакцияси (ПЗР) ўтказилди. ПЗР маҳсулотлари 3,5 % ли Hi-Res агароза гелида электрофорез қилиниб, *AlphaImager™ 3400* ускунасида фотодокументлаштирилди.

Анализ натижаларига кўра, F_1 (Mo95xPima 3-79) комбинацияси натижасида олинган моносомик дурагай ўсимлигига 3-79 линиясининг (*G.barbadense* L.) олтинчи хромосомаси кўчиб ўтганлиги BNL1064, Gh39 ва Gh82 SSR маркерлар ёрдамида аниқланди. Бундан ташқари, F_1 (Mo42xPima 3-79) комбинациясининг моносомик дурагай ўсимлигида реципиент она ўсимликка хос бўлган 21 хромосомани йўқолганлиги ва унинг ўрнига 3-79 донор линиянинг хромосомаси кўчиб ўтганлиги BNL1705 маркери ёрдамида кўрсатиб берилди.

Шундай қилиб, ЎзМУ ноёб цитогенетик коллекциясининг иккита Mo95 ва Mo42 моносомик линияларида 6 ҳамда 21 хромосомаларни моносомик ҳолатда эканлиги мазкур тадқиқот натижасида аниқланди. Тадқиқотда олинган натижалар ва фойдаланилган усуллар юртимизда ғўзанинг хромосомаси алмаштирилган линияларни яратиш жараёнини жадаллаштиради.

ВЛИЯНИЕ БАКТЕРИАЛЬНОГО ПИГМЕНТА ВИОЛАСЕИНА НА АКТИВНОСТЬ НЕКОТОРЫХ ПРОТЕИНКИНАЗ

Адылова А.Т., Солиев А.Б., Эномото К.

Центр Геномики и биоинформатики АН РУз
111215, Узбекистан, Ташкентская обл., Кибрайский р-н, ул. Университетская, д. 2;
Технологический университет Кочи
782-8502, Япония, Префектура Кочи, Тосаямада, Миянокучи, 185

Виоласеин, фиолетовый пигмент, является типичным вторичным метаболитом, продуцируемым несколькими группами бактерий. Он участвует в естественной химической защите бактерий от их врагов и обладает противоопухолевой активностью по отношению к различным линиям злокачественных клеток, индуцируя при этом апоптозный путь гибели этих клеток. Однако молекулярные механизмы и молекулы-мишени, участвующие в проявлении этой токсичности, не до конца определены. Поэтому выяснение природы внутриклеточных мишеней, непосредственно вовлекаемых во взаимодействие с виоласеином, важно для понимания физиологических и фармакологических свойств данного соединения.

В настоящей работе изучено влияние виоласеина на активность ряда протеинкиназ, как молекул, участвующих во внутриклеточных сигнальных трансдукциях, включая и индукцию апоптоза. Предметом нашего исследования были семейство серин/треониновых протеинкиназ С (РКС ферменты), Src-kinase (протеин тирозинкиназа), CaM киназа (кальмодулин-зависимая протеинкиназа), а также каталитические субъединицы протеин киназы С и А (ц-АМФ зависимая протеинкиназа, РКА).

Полученные результаты показали, что виоласеин проявлял наибольшее сродство к протеинкиназам классического типа, т.е. к РКС. Он также заметно подавлял активность РКА. Обращает на себя внимание тот факт, что каталитическая субъединица РКС ингибируется виоласеином в большей степени, чем полный рекомбинантный фермент. Это, в свою очередь, наводит на мысль о вероятном связывании виоласеина не только с каталитическим доменом протеинкиназ С, но и с их модуляторами – диацилглицеролом и

фосфатидилсерином, ибо в присутствии относительно высоких концентраций этих веществ (20 и 100 мкг/мл, соответственно) ингибирующая активность виоласеина уменьшалась. Возможность такого связывания вполне допускается через гидрофобное взаимодействием виоласеина с этими липидными молекулами.

В этом исследовании мы также оценивали действие виоласеина на нерецепторную протеин-тирозинкиназу – Src-киназу и CaM-киназу II, которая активируется Ca^{2+} и кальмодулином. Эти киназы слабо ингибировались виоласеином и поэтому вряд ли могут рассматриваться как основные мишени пигмента. Поэтому вполне вероятно, что виоласеин ингибирует протеинкиназы, принадлежащие к AGC группе протеинкиназ, которая включает в себя PKC и PKA.

Таким образом, данные полученные нами, свидетельствуют о том, что одним из механизмов противоопухолевого эффекта виоласеина может быть дифференциальное ингибирование этим метаболитом активности ряда протеинкиназных ферментов, участвующих в росте и делении клеток.

ДИСПЕРСИОННЫЙ АНАЛИЗ И ОЦЕНКА ЗАСУХОУСТОЙЧИВОСТИ НЕКОТОРЫХ РОДИТЕЛЬСКИХ ЛИНИЙ ГЕНОТИПОВ ХЛОПЧАТНИКА

Азимов А.А., Холмурадова М.М., Имамходжаева А.С ,Тураев О.С., Хусенов Н.Н.

Центр геномики и биоинформатики АН РУз
111215, Ташкентская обл., Кибрайский р-он, ул. Университетская, 2
azimov_a_a@mail.ru

Повышение устойчивости новых линий и сортов хлопчатника к жарким климатическим условиям с постоянным дефицитом почвенной влаги и пресной воды, в которых расположены многие хлопковые поля Республики Узбекистан, особенно актуально и в настоящее время.

Целью данной работы было провести сравнительный анализ и дать оценку засухоустойчивости генотипов некоторых родительских сортов хлопчатника посредством компьютерной программы однофакторного

дисперсионного анализа из пакета программ математической статистики SPSS 21.

С этой целью в Центре геномики и биоинформатики был проведен ряд лабораторных экспериментов на посевном материале. Посевной материал – это семена трех сортов хлопчатника: Наманган-77 (реципиент), D-34 (донор), D-39 (донор). Семены каждого сорта были посеяны в двух разных, условно так называемых «оптимальный фон» и «сухой фон», режимах орошения, соответственно по схеме 1x2x1 и 0x1x0. Вследствие этого и для удобства компьютерной обработки данных, выращенные сорта хлопчатника в зависимости от фона обозначены как Nam77Opt, Nam77Dry, D-34Opt, D-34Dry и D-39Opt, D-39Dry.

Для оценки статистически значимых различий генотипов хлопчатника методом дисперсионного анализа, был образован компьютерный файл, состоящий из количественных значений следующих показателей генотипов, полученных с каждого куста хлопчатника из соответствующего сорта и режима орошения: hs – высота закладки первой плодовой ветви, Monop - неурожайные (моноподиальные) и Simp - урожайные (симподиальные) ветви, Nbolls – количество раскрытых коробочек и Tbolls –общее количество коробочек.

Программа one-way Anowa определила три показателя – Monop, Simp и Tbolls по относительно высоким значениям так называемого критерия Фишера F, определяемого как среднеквадратическое отношение межгруп-повых и внутригрупповых дисперсий, соответственно равным 2.218, 2.810 и 2.752 с уровнями значимостей $P<0.056$, $P<0.019$ и $P<0.021$ и установила наличие статистически значимых различий между средними значениями этих групп.

На следующем этапе для выявления достоверных различий между отдельными конкретными сортами с учетом режима орошения, были проведены апостериорные сравнения на тестах допустимое значимое различие (ДЗР) Тьюки и Бонферрони. Оба этих теста, подтверждая результаты друг друга, дали идентичную картину, указывая на определенные комбинации

достоверно различающихся линий по показателям Monop, Simp и Tbolls, только с незначительными отличиями в значениях уровней значимостей. Так, по показателю Monop сорта Nam77Dry и D-39Opt по указанным двум тестам достоверно различались с уровнями значимостей соответственно, P<0.037 и P<0.048. А по показателю Simp - различались сорта Nam77Dry и D-34Dry (P<0.034 и P<0.044), а также D-34Dry и D-39Opt (P<0.034 и P<0.044). И только по ДЗР Тьюки, достоверно различались сорта Nam77Opt и D-34Dry (P<0.054). Вместе с этим, по показателю Tbolls в обоих тестах сорта Nam77Dry и D-34Dry тоже достоверно различались с уровнями значимостей соответственно, P<0.010 и P<0.012.

Исходя из проделанных расчетов и анализов с применением однофакторного дисперсионного анализа можно предполагать, что исследованные нами сорта хлопчатника, выращенные в разных режимах орошения, статистически значимо не различаются. Но сорт Наманган-77, выращенный на сухом фоне (Nam77Dry), статистически достоверно различается по трем показателям от донорных сортов, выращенных в соответствующих режимах орошения, указанных выше.

О ЗНАЧЕНИИ ЦИТОПЛАЗМАТИЧЕСКИХ БЕЛКОВ ПЫЛЬЦЕВЫХ ЗЁРЕН У НЕКОТОРЫХ ВИДОВ *HIBISCUS* L. И *GOSSYPIUM* L.

Аллабердиев Р.Х., Камалова М.Д.

Национальный университет Узбекистана
100174, г.Ташкент., Олмазарский р-н, Университет, д.4. a-rustam@rambler.ru
Узбекский государственный университет мировых языков, г.Ташкент., Учтепа р-н, Кичик халка, 21 «А».kamalova_manzura@mail.ru

У высших растений процесс размножения начинается с момента, когда пыльцевое зерно (мужской компонент) приносится на рыльце пестика (женский компонент) [1].

Ранние этапы развития пыльцы тесно связаны с функциональной активностью тапетума. Цитохимические и ультраструктурные исследования свидетельствуют, что тапетум функционирует как источник питательного

материала при развитии пыльцевого зерна. В последнем клетки теряют свою оболочку, и протопласт тапетума распределяется между развивающимися пыльцевыми зернами, образуя тапетальный периплазмодий [2].

Исследование цитоплазматических белков пыльцевых зёрен было проведено для того, чтобы определить молекулярную массу интин-ассоциированных белков каждого из изученного нами виды: *G.barbadense*, *G.hirsutum* и *H.syriacus*, *H.hybrida*. Процесс выделения интин-ассоциированных белков сам по себе весьма сложен в связи с тем, что интина является очень тонкой оболочкой и её выделение почти невозможно. Поэтому для определения молекулярных масс интиновых белков был применен метод исключения, т.е. исследованы цитоплазматические белки, белки экзины и тотальные белки зрелых пыльцевых зёрен. Исходя из анализа белкового спектра тотальных белков, мы определяли состав интин-ассоциированных белков путём исключения из него белков экзины и цитоплазмы. Как было указано выше, экзина у всех изученных видов характеризовалась наличием белков с молекулярными массами 50,5, 45, 20,7, 17,5, 15,5, 14,3 и 13,5 кД (что соответствовало значениям Rf 0,35, 0,4, 0,76, 0,84, 0,89, 0,93 и 0,96 соответственно).

Цитоплазматические белки выделялись по методу Ch.H. Chay et al. [3], разработанного для *Zea mays*. Пыльцевые зёрна исследуемых растений были помещены в раствор 0,1 M Tris (pH 8,0) и PMSP (0,5мг/мл). Разрушенные пыльцевые зёрна центрифугировали при 10 000 об/мин. В результате супернатант содержал цитоплазматическую фракцию пыльцевого зерна, а осадок – фракцию клеточных стенок. Затем супернатант центрифугировали при 20 000 об/мин. и осадок исследовали на содержание цитоплазматических белков.

Rf цитоплазматических белков пыльцы *G.barbadense* – от 0,13 до 0,75, Rf *G.hirsutum* варьирует от 0,07 до 0,45, Rf *H.syriacus* - от 0,15 до 0,42 и *H.hybrida* – от 0,24 до 0,9. Наиболее широким спектром белков электрофоретической подвижностью характеризуется *H.hybrida*. Для *G.barbadense* и *H.hybrida*

свойственно наличие, как высокомолекулярных белковых фракций, так и низкомолекулярных.

Наименьшее количество белковых фракций цитоплазмы отмечено у *H.syriacus*. На электрофореграмме выявилось 9 полос. У другого представителя этого же рода - *H.hybrida,* наоборот, отмечено наибольшее количество белковых фракций – 14, лежащих в широком спектре. Такое же количество тотальных белков цитоплазмы отмечено для *G.barbadense* и чуть меньше – для *G.hirsutum* (11). Оказалось, что состав цитоплазматических белков пыльцы среди изученных нами видов характеризовался разнородностью в сравнении с экзиновыми белками этих растений. Цитоплазматические белки характеризуется широким спектром значений.

Цитоплазматическая фракция содержит компоненты цитозоля. Данные по белковому компоненту этой части клетки нам были необходимы для определения белков, ассоциированных с интиной. Эти данные в дальнейшем нам позволят определить этапы и сроки формирования экзины и интины в процессе развития микроспор.

ДНК-БАРКОДЛАШ ТЕХНОЛОГИЯСИДАН ФОЙДАЛАНИБ МАҲАЛЛИЙ ҒЎЗА НАВЛАРИНИ МОЛЕКУЛЯР ИДЕНТИФИКАЦИЛАШ

Аманбаева Р.С., Тураев О.С., Норбеков Ж.Қ.,
Хусенов Н.Н., Кушанов Ф.Н.

ЎзР ФА Геномика ва биоинформатика маркази
111215, Ўзбекистон Республикаси, Тошкент вил., Қибрай тум., Университет кўч. 2-уй
ozodturaev@gmail.com

Ўсимлик турларини молекуляр жиҳатдан идентификация қилишда ДНК-баркодлаш технологиясидан фойдаланилади. Турларни аниқлаш учун организм ДНКсининг ўзига хос регионларидаги фарқликлар асосида уларнинг молекуляр паспорти яратилади. Бугунги кунга келиб, ДНК-баркодлаш технологияси навларни идентификациялаш, уруғларни сертификатлаш ва

ўсимлик селекционери ҳуқуқлари каби селекцион мақсадларда фойдаланиш учун кучли воситага айланди.

Кўплаб систематиклар, экологлар ва эволюцион биологлар ўсимлик ёки ҳайвон намуналарини тўғри ва тезкор классификациялаш учун ишончли натижаларни олишда турли таксономик тўсиқларга дуч келади. Ушбу муаммолар, ҳар қандай организм ДНК маълумотлари асосида ҳар бир тур ёки навларни ўзаро тезкор фарқлашнинг янги усулини ривожлантиришга асосий сабаб бўлди. Шундай қилиб, ДНК-баркодлаш технологияси барча биологик хилма-хилликни классификациялашда систематиклар учун жуда муҳим янги восита бўлди.

Биз, ўз тадқиқотларимизда ДНК-баркодлаш технологиясидан фойдаланиб маҳаллий ғўза навларининг молекуляр паспортини яратишни мақсад қилдик. Шу мақсадда, ғўзанинг маҳаллий Ан-Боёвут, Ан-Боёвут-2, Андижон-35, Андижон-37, Барака, Бухоро-6, Бухоро-102, Жарқўрғон, Истиқлол-14, Йолотань-14, Наманган-77, Омад, Порлоқ-1, Порлоқ-2, Порлоқ-4, Равнақ-1, Равнақ-2, С-6524, С-6775, С-8290, Сардоба 0516 ПРЦП, Саховат, Султон, Сурхон, Тафаккур, Ўз ПИТИ 2601, ЎзПити 2201, ЎзФа, Ҳамкор ва Хоразм-127 навлари танлаб олинди. Молекуляр тадқиқотларни амалга ошириш мақсадида ушбу навлар Геномика ва биоинформатика маркази Махсус уруғчилик хўжалиги тажриба даласи ва Гулистон Давлат университети тажриба даласида экилди.

Келгусида, намуналардан геном ДНК ажратилиб, Марказда мавжуд микросателлит (SSR) маркерлардан фойдаланиб ПЗР таҳлиллари амалга оширилади. Таҳлил натижалари генотипланиб, олинган маълумотлар асосида тадқиқотда фойдаланилган маҳаллий навларнинг молекуляр паспорти яратилади.

BACILLUS ТУРКУМИГА КИРУВЧИ БАКТЕРИЯЛАРНИНГ АНТОГОНИСТИК ХУСУСИЯТЛАРИ

Артикова Р.М., Набиходжаева М. Ортикова М.

100011, Ўзбекистон, Тошкент, Навоий кўчаси 32-уй,
Тошкент кимё–технология институти.
tkti_info@edu.uz

Пробиотиклар – тирик микроорганизмлардан яратилган препаратлар бўлиб, тирик организмга киритилганда унинг ичак микрофлора таркибини оптималлаштириш орқали хўжайин-организмнинг физиологик, биокимёвий ва иммун реакцияларига ижобий таъсир кўрсатади.

Пробиотиклар комлекс таъсирга эга бўлиб улар: антибиотиклар, бактериоционалар, лизоцим, органик кислоталар, водород пероксиди ҳосил қилиши ҳисобига, шунингдек озиқланиш жойига ва озиқавий моддаларга рақобатлашиш ҳисобига патоген ва шартли патоген микроорганизмларга нисбатан антогонистик фаолликни намоён қилади; гидролитик ферментларни синтез қилиб овқат ҳазм қилишда иштирок этади; микроорганизмлар томонидан ўзлаштириладиган аминокислоталар, витаминлар ва бошқа биологик фаол моддалар ҳосил қилади; иммуномодуляторлик таъсир кўрсатади; токсинларни ва аллергенларни деструциясини амалга оширади; қондаги холестериннинг миқдорини камайтиради; организмдан оғир металларнинг чиқиб кетишига ёрдам беради.

Пробиотиклар ишлаб чиқаришда асос бўлувчи микроорганизмлар қуйидаги талабларга жавоб бериши керак: 1) патоген ва захарли бўлмаслиги; 2) ошқозон ичак трактининг кислотаси ва сафросига чидамли бўлиши ва ундан тирик холатда ўтиши; 3) ичакнинг эпителял ҳужайраларига ўрнашиши; 4) тез кўпайиши, ичак трактида колонияланиши; 5) ичакда метаболизмини амалга ошириши; 6) ичакнинг нормал микрофлорасини стабиллаши; 7) лиофилизацияланган препаратлар ишлаб чиқаришда, сақлашда ва қўллашда ўзининг хаётий фаолиятини сақлаб қолиши керак.

Тиббиёт ва ветеринарияда янада кенгроқ ва актив антогонистик таъсирга эга биопрерапатларга бўлган талаб спора ҳосил қилувчи бактериялар, хусусан Bacillus туркумига кирув бактериялардан ташкил топган иккинчи авлод пробиотиклари-ўзи элиминация қилувчи антогонистларни яратишга олиб келди.

B. subtilis – аэроб, эндоспоралар ҳосил қилувчи, табиатда кенг тарқалган бактерия бўлиб, ҳайвонлар ва қушларнинг организмига тупроқдан ўсимликлар ва озуқалари орқали тушади.

Адабиётлардан олинган маълумотларга қараганда пробиотик бациллалар штаммлари патоген ва шартли патоген микроорганизмларига нисбатан антогонистик хусусиятга эга бўлиши билан биргаликда лакто- ва бифидобактерияларнинг ўсишига ножўя таъсир кўрсатмайди. Бациллалар штаммлари антибиотикларга сезгир эмаслиги учун антибиотик билан бир вақтда қабул қилиш учун мумкин бўлган препаратлар яратишда фойдаланилади.

Бациллаларнинг турли физ-кимёвий омиллар таъсирига чидамлилиги, эндоспор ҳосил қилиши, сақлашда турғунлиги, омухта ем таркибида буғлаш ва грануляциялаш орқали спора массаси кўринишидаги биопрепаратлар олиш имкониятини берди.

Ўзбекисто шароитида *Bacillus* туркумига кирувчи бактерияларнинг антогонистик хусусиятларини ўрганиш мақсадида тупроқдан *Bacillus* штаммлари ажратиб олинди. Уларнинг патоген бактерияларга нисбатан антогонистик хусусиятлари Петри ликобчаларида гўшт-пептонли озиқа мухитларида перпендикуляр штрихлар усули ёрдамида аниқланди.

Олиб борилган илмий тадқиқот натижаларига кўра *in vitro* шароитида патоген бактериялар ва замбуруғларнинг тоза культураларига нисбатан *B.subtilis* бактериясининг барча штаммлари бактерицидлик ва фунгицидлик таъсирларини намоён қилди. Антогонист штаммларнинг қишлоқ хўжалик ҳайвонларининг ва ўсимликларида касаллик чақирувчи патогенларнинг ўсишини чеклаши аҳолининг экологик тоза озиқ-овқат махсулотлар билан

таъминлашда, ўсимлик ва ҳайвонларнинг хавфсиз маҳсулотларини олишни таъминловчи муаммосини хал қилишда мухим ахамият касб этади.

КОМПЬЮТЕРНЫЙ АНАЛИЗ НЕЙРОТРОФИНОВ И ДЕСТАБИЛАЗЫ МЕДИЦИНСКОЙ ПИЯВКИ

Артыкбаева Г.М., Мамаджанов А., Ялалова И.Р., Саатов Т.С.

Институт биоорганической химии АН РУз,
100125, Ташкент, ул.М.Улугбека,83.
gulnoraar@rambler.ru

Нейротрофические факторы (НТФ) принадлежат к классу белков – полипептидных факторов роста. В эмбриогенезе и постнатальном периоде НТФ участвуют в дифференцировке, созревании и поддержании выживаемости клеток периферической и центральной нервной системы. НТФ участвуют в создании структуры нервной ткани, в формировании фенотипа клеток, а также в регуляции количественного состава различных нейрональных популяций путем супрессии программированной нейрональной гибели. Известно, что нейротрофический фактор мозгового происхождения (BDNF), а также нейротрофины-3,4 стимулируют экспрессию тканевого активатора плазминогена в культуре клеток коры головного мозга, и сам активатор плазминогена, протеаза ограниченного спектра действия, направленного на превращение плазминогена в плазмин, проявляет нейритстимулирующий эффект.

Впервые идея для исследования медицинской пиявки (МП) на наличие в ее секрете НТФ возникла в результате работ по лечению детей с детским церебральным параличом (ДЦП) и пациентов, страдающих миопатией. Принципиальные результаты по снижению спастики у детей с ДЦП при лечении МП, были получены у больных, перенесших мозговой инсульт. Наличие у МП нейротрофических факторов доказано методикой контроля роста нейритов в культивируемых органо-типических эксплантатах спинальных ганглиев куриных эмбрионов. Полученные результаты

свидетельствуют о нейротрофической активности, обусловленной биологически активными веществами, присутствующими в головной

ТОШКЕНТ ВИЛОЯТИДА КАРТОШКА М- ВИРУСИНИНГ ТАРҚАЛИШИНИ ИФА ЁРДАМИДА АНИҚЛАШ

Ахмадалиев Б.Ж., Файзиев В.Б.

Мирзо Улуғбек номидаги Ўзбекистон Миллий Университети
100174, Тошкент шахар,Талабалар шахарчаси Университет-4 кўчаси
info@nuu.ru

Бутун дунёда картошкачиликка катта зарар келтирадиган вируслар аниқланган бўлиб, уларга: Х, У, S, А, М ва L каби бир қатор вирусларни келтириб ўтиш мумкин. Бу вирусларнинг ҳар бири картошка ўсимлигини алоҳида ёки биргаликда касаллантириб, «хол-хол мозаика» (Х), «чизиқли мозаика» (У), «мозаикали буришиш» (У, Х ва А) ва «баргнинг буралиши» (L) каби касалликларни келтириб чиқаради (Егизбаева, 2008).

Картошканинг М-вируси (КМВ) карлавируслар оиласига мансуб бўлиб, бутун дунёда тарқалган. Вирусни биринчи марта Б.Х. Нурмисте (1956) аниқланган. Бу вирус ўсимликда баргнинг мозаикали буралиши каби касаллик белгиларини келтириб чиқаради ва учки ёш баргларда вегетациянинг биринчи ярмида яхши намоён бўлади. Вирус ҳосилдорликни 19,5%, туганак таркибидаги крахмални эса 0,9% гача пасайтиради (Agindotan et.all, 2007).

Бундай фитопатоген вирусларга қарши кураш чораларини ишлаб чиқиш учун уларнинг тарқалиш даражасини ва чидамли навларни сезгир усуллар ёрдамида ўрганиш муҳим ҳисобланади.

Бунинг учун Тошкент вилоятининг паст текисликларида сентябр ойида, яъни картошка ўсимлигининг гуллаш фазасида наьмуналар йиғиб олинди ва ИФА усули ёрдамида ўрганиб чиқилди.

Олиб борилган тадқиқотларимиздан шу нарса маьлум бўлдики, Тошкент вилоятининг Қибрай туманида картошка ўсимлигини М-вируси 20-75%, Паркент туманида 10-60%, Занги-ота туманида эса 10-45%

касаллантирганлиги аниқланди. Вируснинг ўртача тарқалиши Қибрай туманида 41,6%, Паркент туманида эса 33,75% Занги-ота туманида эса 35% тарқалгани аниқланди.

Вирус тарқалишининг бундай даражада бўлишининг асосий сабаби сифатида, уруғлик картошка туганакларининг патоген микроорганизмлар, жумладан вирусларга текширилмаганлиги ҳамда бир неча йил давомида вилоят фермер хўжаликларида қайта-қайта туганакларнинг экилиши ва бир қатор бошқа биологик омилларнинг мавжудлиги билан изоҳлаш мукин.

Адабиётлар рўйхати

1. Егизбаева Т.К., Лесова Ш.Т., Жумагелданов Б.К. Получение устойчивых к стрессовым факторам внешной среди линий картофеля // Биотехнология в Казахстане: проблемы и переспективы инновационного развития: Тез. докл. – Алма-ата, 2008. – С. 84-87.
2. Agindotan B.O., Shiel P.J., Berger P.H., Simultaneous detection of potato viruses, PLRV, PVA, PVX and PVY from dormant potato tubers by TaqMan(R) real-time RT-PCR. J. Virol methods. 142, 2007. – p. 1-9.
3. Файзиев.В.Б, Картошка вирусларининг иммунодиагностикаси// Биология фанлари номзоди илмий даражасини олиш учун ёзилган д и с с е р т а ц и я. – Ташкент, 2011.-14-51-60 бетлар.

ASSESSING GENETIC DIVERSITY OF IMPROVED *GOSSYPIUM HIRSUTUM* AND *G. BARBADENSE* LINES USING FIBER ASSOCIATED NUCLEAR SSR AND NEWLY DEVELOPED CYTOPLASMIC SSR AND INDEL MARKERS

Ayubov Mirzakamol[1*], Sukumar Saha[2], Tokhirbek Norov[1], Dewayne Deng[2], Sheron Simpson[3], Brian Scheffler[3], Johnnie N. Jenkins[2], Zabardast Buriev[1] and Ibrokhim Abdurakhmonov[1]

Center of Genomics and Bioinformatics, Academy of Sciences of Uzbekistan, Tashkent, Uzbekistan[1];
Genetics and Sustainable Agriculture Research, 810 Highway 12 East, P. O. Box 5367, Mississippi State, MS 39762, USA[2], Genomics and Bioinformatics Research, Stoneville, MS 387760038, USA[3]

Cotton is the leading textile fiber and the second most important oilseed crop in the world generating over $100 billion in USA national economy and directly supporting about 500,000 jobs. Upland cotton (*Gossypium hirsutum* L., AD_1, 2n =

52) is the most widely grown cotton species worldwide because of its superior yield potential, whereas *G. barbadense* L. (AD_2, 2n = 52), the only other cultivated tetraploid species, is grown in some areas because of the price advantage due to superior fiber quality. The genetic improvement of any crop species depends on the extent of genetic variation for desirable alleles and the accurate characterization of the variability among germplasm accessions. Breeders normally select genotypes based on morphological characters, primarily regulated by nuclear genome. However, cytoplasmic genome including mitochondria and chloroplast genomes plays also an important role in performing many biological functions. The narrow genetic base of cultivated cotton germplasm is the primary impediment to its genetic improvement. The characteristics and mode of genetic inheritance of cytoplasm and nuclear genome provide complementary valuable information to study about gene flow, evolution and population history in any cotton breeding program. Unfortunately, limited information is available on the genetic variation especially on cytoplasmic genome of the improved cotton lines of *G. hirsutum* and *G. barbadense*. The objectives of this research was to: 1) develop cytoplasmic DNA markers as a tool for genetic studies and 2) use the DNA markers as a tool to detect genetic variation in the cytoplasmic and nuclear genome in a set of improved *G. hirsutum* and *G. barbadense* lines.

We used 61 SSR primer pairs associated with important fiber specific traits of the nuclear genome and 49 primers specific to the cytoplasmic genome to screen 20 *G. hirsutum* and 74 *G. barbadense* improved lines from diverse geographical locations. We used the overall methods of standard PCR technique and gel analysis using an ABI 3730xl with a 96-capillary system for molecular analysis. The nuclear SSR primer pairs were selected based on the previous studies considering their presence covering almost the whole genome and association with important fiber traits. We scored the molecular marker data as a dominant marker to avoid ambiguous scoring for allelic relationship without pedigree data of the cotton lines in this experiment. The marker data were analyzed to estimate genetic similarity between cultivars based on the simple matching coefficient (SI) and constructed

dendrograms using JMP Genomics software (SAS^{TM}). Using a cost-effective data mining strategy, we detected 27 CPSSR and 22 indel specific primer pairs from the cotton chloroplast genome using NCBI database. Results from the hybrids (F_1) of the reciprocal crosses between *G. hirsutm* (TM-1) and *G. barbadense* (Pima 3-79) confirmed the association of these markers specific only to the cotton cytoplasmic genome. We also observed that cytoplasmic indel markers are more polymorphic compared to the cytoplasmic SSR markers among the lines. The overall results from the dendrogram revealed that the selected 94 lines could broadly be divided into two broad groups of *G. hirsutum* and *G. barbadense*. However, the dendrogram results also showed that two accessions of *G. hirsutum* and two accessions of *G. barb*adense clustered with different species group respectively, suggesting the interspecific introgression of gene pool in the development of these lines. The overall results suggested that the genetic diversity in *G. hirsutum* is narrower in both cytoplasmic and nuclear genomes compared to *G. barbadense*. The average coefficient of similarity based on IBD value (identical alleles) in the cytoplasmic genome is 0.48 (S.E. ± 0.005). However, the nuclear genome average IBD value is 0.44 (S.E. ± 0.005) suggesting the genetic diversity in the cytoplasmic genome is little more conserved compared to the nuclear genome among the lines. The average IBD value is 0.42 (S.E. ± 0.005) combining both of the cytoplasmic and nuclear markers among the lines. Results from the dendrogram pattern showed that the accessions in some cases from the similar breeding sources or geographic locations clustered together suggesting the use of similar in house gene pool in the breeding program. Genetic variation for desirable alleles for fiber traits and the accurate characterization of the variability in the targeted lines of interest are the foundation for any successful breeding program. This research provided, for the first time, a genetic tool to study the cytoplasmic genome and compared the genetic diversity between *G. barbadense* and *G. hirsutum* in the cytoplasmic and nuclear genomes in a selected set of improved lines. Our research will help breeders to develop a breeding strategy maximizing the effects of genetic diversity to improve cotton lines.

ЭСТРОГЕН РЕЦЕПТОРИ ГЕНИНИНГ rs2228480 ПОЛИМОРФИЗМИ БИЛАН ОСТЕОПОРОЗ ОРАСИДАГИ БОҒЛИҚЛИКНИ ТЕКШИРИШ

Бобоев К. Т., Ибрагимов З.З.

ЎзР ССВ Гематология ва қон қуйиш илмий текшириш институти
100097, Чилонзор тумани, Бунёдкор кўчаси 42а
info.niigem@minzdrav.uz

Жаҳонда бугунги кунда остеопороз (ОП) касаллигининг генетик асосларини текшириш бўйича тадқиқотлар кўпайиб бормоқда. Остеопорознинг асосий хусусиятларидан бири суяк тўқимаси минерал зичлигининг камайиши ва суяк метаболизмининг бузилиши натижасида суяклар синиш хавфининг ортиши билан характерланади. Ҳозирги кунда остеопороз ривожланишида 15-25 фоиз ташқи омиллар таъсири ва 75-85 фоиз генетик мойилликка боғлиқлиги аниқланган.

Ҳозирги кунда дунё тадқиқот марказларида остеогенез ва суяк шаклланиш жараёнида иштирок этувчи 250 тадан ортиқ номзод-ганлар ўрганилмоқда, улардан 60 тасининг ОП ривожланишида муҳим иштирок этиши аниқланган. Уларнинг ичида энг кўп ўрганилганлари: жинсий гармонлар ва уларнинг рецептори генлари, суяк матрикси оқсили генлари, цитокинлар генлари, ўсиш омиллари ва уларнинг рецепторлари генлари ва бошқалар.

Тадқиқотнинг мақсади: Ўзбекистонда остеопороз хавфи ривожланишида эстроген рецептори (ESR1) генининг rs2228480 полиморфизмининг аҳамияти текшириш.

Тадқиқотнинг усуллари. Ўзбекистон ҳудудида яшайдиган 235 нафар – 98 та (ўртача 53,3±6,4 ёшдаги) остеопороз (ОП) ва 137 нафар кўнгиллилар (ўртача 61,0±7,8 ёшдаги) ташкил этди. Тошкент тиббиёт академиясининг ревматология бўлими ҳамда травматология ва ортопедия илмий текшириш институтида рентген ва денситометрия текшируви натижалари асосида ОП ташҳиси қўйилган беморлар олинди. Ўрганилаётган гурухларнинг периферик қонидан ажратилган ДНК намуналарда тадқиқот ўтказилди. ESR1 генининг

rs2228480 полиморфизми Синтол (Россия) генетик тест-тўплами ёрдамида ишлаб чиқарувчиларнинг кўрсатмаларига мувофиқ текширилди. Полимер занжирли реакция (ПЗР) Rotor Gene 6000 (Corbett, Австралия) амплификаторида амалга оширилди. Олинган натижаларнинг статистик таҳлили «WINPEPI 2016, Version 11.65» ва «EpiCalc 2000 Version 1.02» статистик компьютер дастурлари ёрдамида амалга оширилди.

Олинган натижалар. ESR1 гени rs2228480 полиморфизмининг минор А аллели учраши 17,2 фоизни ташкил этади, бу кўрсаткич европаликлардаги тарқалиш частотасига мос келган. Назорат ва асосий гуруҳларда генотипларнинг тақсимланиши Харди-Вайнбер мувозанатидан оғиш кузатилмади (χ^2=0,38; p=0,54). Текширилган гуруҳларида ESR1 генининг rs2228480 полиморфизми ОП ва назорат гурухи ўртасида статистик фарқлар аниқланди. Ўрганилган полиморфизмнинг А аллели билан ОП ривожланишида тўғридан тўғри боғлиқлик борлиги намоён бўлди, бунда нисбий хавф: RR=1,46 (95%CI: 1,18–1,81). ОП ривожланишида G/A ва A/A генотиплари ўртасида хам статистик ишончли боғлиқлик кузатилди, нисбий хавф: G/A генотипида RR=1,49; 95%CI: 1,09–2,03; $\chi2$=5,96; p<0,05, A/A генотипида RR= 2,14; 95%CI: 1,39–3,28, p<0,05). Шунингдек, юқорида қиёсланган ОП ва назорат гуруҳларимизда ESR1 гени rs2228480 полиморфизмнинг эҳтимоллар нисбатини ҳам аниқладик. А аллелнинг ОП учраши 2,03 мартага ортди, бунда эҳтимоллар нисбати OR=2,03; 95%CI: 1,31–3,15. Генотиплар бўйича, A/A генотипида ОП 5 марта кўп учради, ушбу ҳолда эҳтимоллар нисбати OR=5,17; 95%CI: 1,31–20,4; $\chi2$=5,15; p<0,05.

Шундай қилиб, ESR1 гени rs2228480 полиморфизми асосий гуруҳда А аллели G/A ва A/A генотипи бирлашмаларининг RR нисбий хавфи ҳамда OR эҳтимоллар нисбати кўрсаткичларига мувофиқ ОП билан ушбу полиморфизм статистик жиҳатдан ўзаро аҳамиятли боғлиқлиги топилди. Таъкидлашни истардикки, ушбу ESR1 генининг rs2228480 полиморфизми бирлашмалари ОП ривожланишига хос генетик маркёр эканлиги исботланди.

ТРАНСФОРМАЦИЯ ПРОМОТОРНОЙ КОНСТРУКЦИИ СО ВСТАВКОЙ НА ОСНОВЕ *MIC-3* ПРОМОТОРОВ В ХЛОПЧАТНИК

Буриев З.Т., Рузибаев Х.С., Убайдуллаева Х.А..

Центр геномики и биоинформатики АН РУз
111215, Ташкентская обл., Кибрайский район, ул. Университетская, д. 2
Zabar75@yahoo.com

Идентификация корень-специфических промоторов является актуальной задачей и имеется возможность широкого их использования в генной инженерии растений. Например, пользуясь генной-инженерией можно уменьшить засорённость почв, защитить растения от засухи и засоления, улучшить усвоение макро и микро элементов, повысить резистентность к корневым патогенам [1]. Корень является первым органом растения чувствующий ионные, осмотические и другие стрессовые факторы. Эти стрессы появляются в результате засухи, засоления почвы, накопления в почве тяжелых металлов, нехватки питания и присутствия микроорганизмов в ризосфере [2]. Кроме того, корневая система регулирует процесс снабжения растений водой и питанием, что важно для развития растений и количества урожая. Оверэкспрессия белков расположенных в корнях предоставляет возможность улучшения развития растений и повышения их резистентности к стрессам [3]. Поэтому интерес к исследованиям по идентификации корень-специфических промоторов повышается.

Были определены и выделены несколько корень-специфических промоторов, например, промотор гена *TobRB7* табака. Его экспрессия выявлена в меристемах корней и не развитых центральных цилиндрических регионах [4].

Целью этого исследования является создание векторной конструкции, на основе промоторного региона гена *MIC*-3 хлопчатника, позволяющий специфически экспрессировать любой ген исключительно в корневых клетках растений.

Мы сконструировали несколько праймерных пар для амплификации различных фрагментов промоторного региона. Конструированные праймерные пары имеют на своих концах рестрикционные сайты ферментов, что необходимо для инсерции в вышерасположенный регион бинарных плазмидных векторов, содержащих репортерный ген *GUS*. Основываясь на данных нуклеотидных последовательностях промотора мы амплифицировали весь промоторный регион гена *MIC*-3 длиной в 2.5 тыс. п.о. из линии хлопчатника ТМ-1 и конструировали несколько бинарных векторов нацеленных на весь регион длиной в 2.5 тыс. п.о. и несколько фрагментов с малыми размерами из последовательностей промотора для изучения роли промотора в устойчивости к RKN. Промотор длиной в 2562 п.о. был ремплифицирован при помощи пары праймеров несущих адаптеры рестрикционных сайтов HindIII и BamHI. Более короткие фрагменты промоторов, имеющие делецию различной длины 5'-конца были также амплифицированы с помощью специфических праймеров. Эти промоторные фрагменты были вставлены в общедоступный вектор pBI101, в вышерасположенный регион кодирующего региона гена *GUS*.

Общей основой для проведения экспериментов по получению растения путем соматического эмбриогенеза служила работа Sunilkumar и Rathore (2001), которую мы модифицировали. Материалами исследования явились растения хлопчатника Coker 312 (*Gossypium hirsutum* L.) и клетки штамм LBA 4404 агробактерии (*Agrobacterium tumefaciens*), содержащие плазмиду pBI101-2500::*GUS*, pBI101-2200::*GUS*, pBI101-1800::*GUS*, pBI101-1600::*GUS*, pBI101-1300::*GUS*, pBI101-1000::*GUS* и pBI101-700::*GUS* со вставкой на основе *MIC-3* промоторов хлопчатника. Семена хлопчатника Coker 312 (*Gossypium hirsutum* L.) предварительно обрабатывали посейно на 0,7% агаризованную среду. После получения проростков с помощью стерильного скальпеля готовили гипокотили. Из семидневных проростков для каждой конструкции готовили по 200 гипокотилей размером 5-7 миллиметров

Из каждой из 200 гипокотилей 150 использовались для трансформации, а 50 - для контроля. Из трансформированных гипокотилей в специальных питательных средах были получены трансгенные устойчивые к канамицину каллусные ткани, содержащие векторные конструкции, созданные для выше приведенных генов. В свою очередь из этих каллусных тканей были получены свыше 100 трансгенных эмбриоидов. Путем регенерации этих эмбриоидов были получены трансгенные T_0 растения. Выращенные в стерильных пробирках T_0 трансгенные растения хлопчатника были пересажены в горшки, содержащие обычную почву.

После адаптации к почвенным условиям из листьев этих трансгенных растений была выделена геномная ДНК. Для молекулярного анализа с помощью специфических праймеров был проведен ПЦР и доказано присутствие в геноме этих растений векторной конструкции.

В фазе цветения для получения генетически чистых семян трансгенные растения были самоопылены. Кроме того, было проведено фенотипическое описание этих растений с момента пересадки их в почву и до получения семян.

В результате проведенных работ были регенерированы и получены несколько трансгенных растений хлопчатника, которые несут промоторный регион гена *MIC-3*, экспрессирующий маркерный ген *GUS*.

Список литературы

1. Potenza C, Aleman L, and Sengupta-Gopalan. 2004. Targeting transgene expression in research, agricultural and environmental applications: Promoters used in plant. In vitro Cell. Dev. Biol. Plant, 40: 1-22.
2. Jones MO, Manning K, Andrews J, Wright C, Taylor IB and Thompson, 2008. The promoter from SIREO, a highly-expressed, root-specific *Solanum lycopersicum* gene, directs expression to cortex of mature roots. Functional Plant Biol., 35: 1224-1233.
3. Ghanem ME, Hichri I, Smigocki AC, Albacete A, and Fauconnier MI et al., 2011. Root-targeted biotechnology to mediate hormonal signaling and improve crop stress tolerance. Plant Cell Rep., 30: 807-823.
4. Yamamoto YT, Taylor CG, Acedo GN, Cheng CL and Conkling, 1991. Characterization of cis-acting sequences regulating root-specific gene expression in Tobacco. Plant Cell, 3: 371-382.

PROTEIN ENGINEERING OF A NEW FUNGAL MANGANESE PEROXIDASE FROM *M. RORERI*

Bronikowski A., Koschorreck K., Urlacher V.B.

Institute of Biochemistry, Heinrich-Heine University Düsseldorf, Universitätsstraße 1, 40225 Düsseldorf, Germany
agathe.bronikowski@uni-duesseldorf.de

Manganese peroxidases, lignin peroxidases, and versatile peroxidases secreted by white rot fungi are supposed to play an essential role in lignin degradation in nature. Thus, these ligninolytic enzymes have attracted significant attention of biochemists, biotechnologists and bioengineers as potential biocatalysts for lignin valorization. Among these three types, manganese peroxidases, though being more abundant in nature, have a narrower substrate spectrum and are not able to directly oxidize high-redox potential substrates as compared to lignin and versatile peroxidases.

Herein we demonstrate how properties of a new manganese peroxidase from the white rot basidiomycete *Moniliophthora roreri*, designated as MrMnP1, were shifted towards those of a versatile peroxidase. The *mrmnp1* gene was cloned and expressed in *Pichia pastoris*, yielding up to 130 mg/l of active enzyme. Biochemical characterization has demonstrated that MrMnP1 is a typical short manganese peroxidase, which accepts and oxidizes Mn^{2+} and some low redox potential substrates in the presence of H_2O_2, but shows no activity towards lignin model substrates. A catalytic tryptophan found in lignin and versatile peroxidases but absent in manganese peroxidases was introduced in MrMnP1 at position 172W in order to extend its substrate scope towards high-redox potential substrates like lignin and textile dyes. The mutant A172W gained activity with the lignin model substrates guaiacylglycerol-β-guaiacyl ether, veratryl alcohol and the high-redox potential dye Reactive Black 5. Furthermore, five amino acids in close proximity to the catalytic tryptophan were replaced towards those present in a versatile peroxidase, and their influence on biochemical characteristics like pH stability, pH optimum or substrate oxidation was evaluated. Most MrMnP1 double mutants demonstrated not only

increased activity and stability as compared to the single mutant A172W, but also the substrate range was broadened.

ENZYME ENGINEERING OF P450 MONOOXYGENASES FOR SELECTIVE LATE-STAGE OXIDATION OF COMPLEX TERPENOID SCAFFOLDS

Vlada B. Urlacher, Priska Le-Huu, Sarah Kranz

Institute of Biochemistry, Heinrich-Heine University
Düsseldorf, Universitätsstrasse 1, 40225 Düsseldorf, Germany
vlada.urlacher@uni-duesseldorf.de

Natural products have been utilized by mankind since thousands of years. Hence it is not surprising that plant secondary metabolites are still the main direct or indirect source for new pharmacological entities. Most of these compounds contain oxygen functionalities such as hydroxy, keto or epoxy groups. Generally, late-stage oxyfunctionalization of complex hydrocarbon scaffolds has been recognized as a powerful tool in their efficient diversification. Selective C-H oxidation of such molecules remains challenging for chemical catalysts because of their insufficient chemo-, regio- and/or stereoselectivity.

To enable selective oxidation of sesqui-, di-, and triterpenoids with complex structures we performed site-directed and site-saturation mutagenesis of well-characterized bacterial cytochrome P450 monooxygenases that catalyzes fatty acid hydroxylation in nature. A library of mutated variants of this enzyme was constructed and screened for activity and selectivity during hydroxylation of various terpenes and terpenoids.

Amongst others, a variant of cytochrome P450 BM3 from *Bacillus megaterium* with three mutations was constructed that oxidizes the sesquiterepene (+)-valencene with high activity to (+)-nootkatone with 98% regioselectivity for C-2 position. (+)-Nootkatone is a high-value natural plant sesquiterpenoid known for its characteristic grapefruit odor impression. This sensory property renders (+)-nootkatone a sought-after flavor and fragrance for industrial applications.

Several P450 BM3 variants were identified, enabling the selective hydroxylation of the 14-membered macrocycle beta-cembrenediol. Beta-cembrenediol diterpenoid contains 16 potential oxidation sites. Oxygenated derivatives of beta-cembrenediol possess neuroprotective properties, making them candidates for drug design. Whereas one P450 BM3 double mutant was identified that catalyzed C9-hydroxylation with 100% regioselectivity, a triple mutant was found to hydroxylate beta-cembrenediol at C10 with 97% regioselectivity. Both reactions were completed with high stereoselectivity.

Similar to diterpenoid oxidation, selective oxyfunctionalization of pentacyclic triterpenoids is challenging due to the multitude of potential oxidation sites. For example, beta-amyrin contains more than 20 potential oxidation sites. Oxygenated metabolites of beta-amyrin have been reported as potential agents for chemoprevention. P450 BM3 variants with two and three mutations showed activity towards beta-amyrin and produced hydroxylated products with high regio- and steroselectivity.

Our results demonstrate that P450 BM3 variants with only two or three mutations in the enzyme active site are able to selectively introduce one atom of molecular oxygen into a scaffold carrying multiple equivalent sites for hydroxylation. Upon these reaction a regioselectivity of up to 95-100% combined with a high stereoselectivity was achieved.

МИКРО-РНК И МОДЕЛИРОВАНИЕ РЕГУЛЯТОРИКИ ПИЩЕВАРИТЕЛЬНОЙ СИСТЕМЫ В НОРМЕ И ПРИ ЗЛОКАЧЕСТВЕННЫХ НОВООБРАЗОВАНИЯХ

[1]Гильдиева М.С., [2]Абдувалиев А.А., [3]Сайдалиева М., [3]Хидирова М.Б.

[1] Республиканский специализированный научно-практический медицинский центр онкологии и радиологии Министерства здравоохранения Республики Узбекистан, г.Ташкент, ул. Фаробий, 383, galice@mail.ru
[2]Ташкентская Медицинская Академия, г.Ташкент, ул. Фаробий, 2, anvara@mail.ru
[3]Центр разработки программных продуктов и аппаратно-программных комплексов при Ташкентском Университете информационных технологий, г. Ташкент, 100200, проспект Амира Темура, 108, regulatorika@yahoo.com

За последние 5 лет интерес в идентификации, определении и использовании микро-РНК молекул повысился. Этот интерес связан с результатами 2 линий исследований: - двух цепочечной микро-РНК, называемой doubl-stranded (dsRNAs) и микро-РНК «interference RNAs» (siRNAs), экспрессирующихся в молчащих специфических генах на пост-транскрипционном уровне пути известном как interference RNA (RNAi); - многочисленных микро-РНК молекул обозначаемых как микро-РНК (miRNA), показывающих целевую регуляцию генной экспрессии в различных организмах.

В ходе вычислительных экспериментов с помощью разработанного программного обеспечения на базе математической и компьютерной моделей были рассмотрены условия внешних и внутренних сред: суточное изменение параметров поступающих веществ, различные концентрации углеводов, аминокислот и жиров в кровеносной системе, нагружение организма жиром и т.д. Надо отметить достаточную гибкость разработанных программных средств, возможность учета специфики процессов при конкретном подходе в рамках рассматриваемой структурно-функциональной организации клеточных сообществ, например, при изучении клеточного сообщества крипта-ворсинки включается пространственная раздельность этапов пролиферации, дифференцировки и выполнения специфических функций. Серия вычислительных экспериментов выявила увеличение MG_2 клеток в

ночные часы, т.е. существование митотических циклов с длительным постсинтетическим циклом, что приводило к накоплению резервных клеток в пищеварительной системе и значительному повышению скорости обновления клеток в утренние часы. При вычислительных экспериментах с нагружением организма жиром были выявлены, по мере увеличения концентрации жира в организме, последовательное усиление активности всасывающих клеток, усиление миграции клеток за счет уменьшения времени дифференцировки, времени нахождения клеток в буферной зоне, за счет вовлечения клеток буферной зоны в деление, увеличения доли делящихся клеток в пролиферативном пуле и уменьшения времени деления клеток пролиферативного пула. Включение каждого последующего этапа требовало достаточно больших увеличений концентраций жира, приводило к бесконтрольному делению и к нелинейной динамике концентрации уровня микро-РНК. В проведенных вычислительных экспериментах время деления клеток пролиферативного пула уменьшалось на 2-2,5 часа при очень больших концентрациях жира в кишечнике. В ходе отладки программы были получены условия моделирования нормального функционирования клеточных сообществ пищеварительной системы и возникновения злокачественных новообразований.

Результаты серии вычислительных экспериментов показали, что функционально-дифференциальные уравнения позволяют рассматривать основные режимы функционирования регуляторных механизмов клеточных сообществ пищеварительной системы: угасание (смерть), стационарное состояние, автоколебания, нерегулярное поведение (динамический хаос) (раковые новообразования) и резкое деструктивное изменение – эффект «черная дыра» (метастазирование) в зависимости от различных концентраций микро-РНК.

Таким образом, результаты вычислительных экспериментов могут быть применены для количественного исследования регуляторных механизмов пищеварительной системы в норме и при злокачественных новообразованиях.

ҒЎЗАНИНГ НУҚСОНЛИ ХРОМАСОМАЛАРИНИ ДНК МАРКЕРЛАРИ ЁРДАМИДА АНИҚЛАШ

Дарманов М.М., Макамов А.Х., Абдукаримов Ш.С.

ЎзР ФА Геномика ва биоинформатика маркази
111215, Ўзбекистон Республикаси, Тошкент вил., Қибрай тум., Университет кўч., 2-уй,
muxtordarmanov@gmail.com

Ғўзанинг гармсел, қурғоқчиллик, ҳашаротлар ва шўрхокликка чидамли *G.tomentosum Nurr. ex Seem., G.mustelinum Miers ex Watt.* ва *G.darwinni* каби ғўзанинг ёввойи тетраплоид турлари мавжуд бўлиб, улар муҳим хўжалик белгиларга бойлиги учун қимматли ҳисобланади. Ғўзанинг моносомик линиялари пахтачиликда қимматли бошланғич манба бўлиб, уларда йўқолган хромосома таъсирида юзага чиқиши мумкин бўлган морфо-биологик белги ва хусусиятларни ўрганиш, йўқолган хромосомаларининг ўрнига бошқа ёввойи турнинг тегишли хромосомасини ўтказиш орқали хромосомаси алмаштирилган линияларни (Chromosome substitution lines/CS-линиялар) яратиш ва алмаштирилган хромосомаларнинг хўжалик-қимматли белгиларга таъсирини ўрганишда жуда қимматли материал ҳисобланади [1]. Хромосомаси бошқа турдан алмаштирилган линиялар ўзида бир хромосома ёки унинг бир бўлагини тутганлиги билан тўлиқ геном даражасидаги турлараро дурагайлаш муаммоларини енгиб ўтади [2]. Ўрта толали ғўзада хромосомаларни турлараро алмаштириш усули биринчи бўлиб 1963 йилда АҚШ лик олим J.E. Endrezzi томонидан ишлаб чиқилди.

Ёввойи ғўза турларидаги қимматли белгиларни хромосомаси алмаштирилган линиялар воситасида ўрта толали ғўзага интрогрессия қилиш Республикамизда ёввойи ғўза турлари генофондидан кенг фойдаланишга катта йўл очиб беради. Бунинг учун ғўзанинг ноёб бўлган цитогенетик коллекциядаги моносомик ва монотелодиссомик линияларни йўқолган хромосомаларини аниқлаш ҳамда улар ўрнига бошқа ёввойи турнинг тегишли хромосомаларини янги инновацион усуллар орқали ўтказиш мамлактимиз пахтачилик фанини ривожлантиришда жуда долзарб ҳисобланади.

Мана шундай катта аҳамиятга эга ғўзанинг моносомик линияларида нечанчи хромосома ёки унинг қайси елкаси йўқолганлигини ҳозирги кунда кенг қўлланилаётган, тезкор ва самарали усул ДНК маркерлар технологияси ёрдамида аниқлаш мазкур тадқиқотнинг асосий мақсади ҳисобланади.

Дастлаб ғўзада генетик хариталаш тадқиқотларига бағишланган дунё адабиётлардан фойдаланиб, хромосомаларга хос бўлган SSR микросателлит маркерларини танлаб олинди. Бунда ғўзанинг 26 та хромасомасига ҳар бирига бир нечтадан специфик бўлган SSR микросателлит маркерлари танлаб олинди. Ғўзанинг моносомик биринчи авлод дурагайларидан керакли миқдорда барг тўқималарини йиғиб олиниб, улардан CTAB усули ёрдамида геном ДНКлар ажратилди. Ажратиб олинган ДНК намуналарига танлаб олинган хромасома специфик маркерлар ёрдамида ПЗР скрининг ўтказилмоқда. ПЗР маълумотларини генотипик таҳлил қилиш натижасида Mo-92 линияда 6 хромасомага хос бўлган BNL2884, BNL3359, BNL3650, BNL4108, BNL1064, NAU2713, TMB1484, TMB703, TMB853, TMB1203, TMB1277, TMB154 ва GH32 ДНК маркерлари 6 чи хромасомаси йўқолганлигини тасдиқлади.

Хозирда навбатдаги моносамик линияларда нуқсонли хромасомаларини аниқлаш бўйича тадқиқотлар олиб борилмоқда.

Адабиётлар рўйхати.

1. Wu, J.; Jenkins, J.; McCarty, J. & Saha, S. (2010). Genetic effects of individual chromosomes in cotton cultivars detected by using chromosome substitution lines as genetic probes. Genetica, Vol.138, No.11-12, (December 2010), pp. 1171-1179, ISSN 1573-6857.

2. Saha, S.; Wu, J.; Jenkins, J.; McCarty, J.; Stelly, D.; Percy, R.; Raska, D. & Gutierrez, O. (2004). Effect of chromosome substitutions from Gossypium barbadense L. 3-79 into G.hirsutum L. TM-1 on agronomic and fiber traits. Journal of Cotton Science, Vol.8, No.3, (Jul-Aug-Sep 2004), pp. 162-169, ISSN 1439-0523.

ДНК МАРКЕРЛАРИ ЁРДАМИДА ТОЛА УЗУНЛИГИНИ ЯХШИЛАШ

Дарманов М.М., Макамов А.Х., Тўраев О.С., Хусенов Н.Н.,
Кушанов Ф.Н., Буриев З.Т., Абдурахмонов И.Ю.

ЎзР ФА Геномика ва биоинформатика маркази
111215, Ўзбекистон Республикаси, Тошкент вил., Қибрай тум., Университет кўч. 2-уй
m.darmanov@genomics.uz

ДНК маркерлар МАС технологияси орқали элита навларни яратишда белгиларни интрогрессия қилиш, уларни кейинги авлодларга берилиши, ва белгиларни танлаш ишларида кенг фойдаланиш мумкин.

Тадқиқотларимиз маҳаллий ғўза навларининг генетик хилма-хиллик даражасини кенгайтириш ва селекция жараёнларини тезлатиш учун, ғўза геномида QTL ларга бириккан тола сифати белгиларини (ҳанузгача тўлиқ фойдаланилмаган) янги гаплотипларларини интрогрессия қилиш. Ушбу усуллар ДНК маркерлари ёрдамида амалга оширилади. Нишонланган генга жуда яқин жойлашган ДНК маркерлари нав ёки линиялар селекцияси учун фойдали маълумотларга жуда бой ҳисобланиб, Ушбу маркерлар асосида селекционерлар донор ўсимлик томонидан ўтадиган кераксиз белгилардан холи бўлган янги навлар яратиш мумкин [1].

МАБЧ (маркерларга асосланган беккросс чатиштириш) усули ёрдамида хозирда юртимизда экилаётган махаллий навларга донорлардан янги QTL аллелларини интеграцияси учун С-417 линия донор сифатида ва махаллий Мехнат ғўза нави реципиент сифатида танлаб олинди. Донор линия ва реципиент навларни ўзаро дурагайлаб дурагай авлод олинди, олинган авлодларда реципиент нав геномини қайта тиклаш мақсадида такрорий чатиштириш (беккросс) орқали амалга оширилди [2].

Ҳар бир авлод дурагай комбинациялар ниҳол босқичларидаёқ олдинги ассоциатив ҳамда нотенг бирикканлик хариталаштириш ишларида тола микронейри (MIC) ва узунлиги (UHM) белгиларига генетик бириккан NAU2277 ДНК маркери ёрдамида ПЗР скрининг қилинди ва донор

ўсимликларнинг маркер аллелини ўзида тутган дурагайлар навбатдаги беккросс (қайта чатиштириш) дурагайлаш учун танлаб олинди. Юқоридаги маркер аллели бўйича гомазигота холатидаги BC_5F_3 (Мехнат х С-417) авлод дурагайлари орасидан толаси сифати ва ташқи белгилари бўйича такомиллашган ва бир-хиллашган формалари янги нав сифатида танлаб олинди.

Яратилган янги “Саховат” навнинг тола микронейри 4.4, узунлиги 1.23 дюим ва реципиент “Мехнат” навида тола микронейри 4.5 ни узунлиги 1.06 дюим ҳамда керакли маркер аллелини тутмаган дурагайларда эса тола микронейри 4.6, узунлиги 1.07 дюимни ташкил этди. Таҳлиллар шуни кўрсатдики NAU2277 ДНК маркери тола узунлиги ва микронейр белгиларига алоқадор бўлиб, шу маркер ёрдамида олинган янги линияларда ташқи омиллар тасирида ўзгарувчан бўлган толанинг микронейр кўрсаткичи кескин даражада ўзгармаган, аксинча тола узунлиги 16% ошганлиги маълум бўлди. Хозирда ушбу янги нав Давлат нав синаш комиссияси томонидан турли мухитларда синовдан ўтмоқда.

Адабиётлар рўйхати.

1. Abdurakhmonov IY, Kohel RJ, Yu JZ, Pepper AE, Abdullaev AA, Kushanov FN, Salakhutdinov IB, Buriev ZT, Saha S, Scheffler BE, Jenkins JN, Abdukarimov A (2008) Molecular diversity and association mapping of fiber quality traits in exotic G. hirsutum L. germplasm. Genomics 92:478–487.
2. Mukhtor M. Darmanov, Abdusalom Makamov, Fakhriddin N. Kushanov, Zabardast T. Buriev, Ibrokhim Y. Abdurakhmonov. MARKER-ASSISTED SELECTION FOR COTTON, The proceeding of Tashkent International Innovation Forum. Tashkent. 19-21 May, 2015 y.

АНТИОКСИДАНТНАЯ АКТИВНОСТЬ ПРОИЗВОДНОГО ГОССИПОЛА В ВОДОРАСТВОРИМОЙ ФОРМЕ

Джумаев А.И.[1,2], Турдикулова Ш.У.[1]

Институт биоорганической химии АНРУз
100125, Узбекистан, г. Ташкент, ул. Мирзо Улугбека, 83.
Центр высоких технологий, Ташкент, Узбекистан
alisher.djumaev.1990@gmail.com

Печень служит барьером на пути практически всех чужеродных веществ, которые попадают в наш организм. Химические вещества, поступая в печень биотрансформируются под действием различных форм цитохрома (P450). Изменения активности ферментов печени ведет к повышению или снижению его детоксикационной функции. Лекарственные вещества при лечении тех или иных болезней могут оказывать на неё токсическое воздействие, приводящее к развитию печеночно-клеточной недостаточности.

На сегодняшний день во всем мире все более широко используются натуральные вещества, выделенные из растений. К таким веществам относится госсипол, который выделяется из семян хлопчатника и его производные, имеющие противозачаточную, антипролиферирующую, противовирусную и иммуномодулирующую активность. Одним из таких производных госсипола является мегосин, менее токсичный в сравнении с предшественником. Однако, как госсипол, так и его производные плохо растворяются в воде, что делает их менее эффективными.

В данной работе исследован влияние водорастворимой формы мегосина - комплекса с γ-циклодекстрином на процесс образования продуктов перекисного окисления липидов в сравнении с веществами аналогичного ряда такими, как чистый мегосин, его водорастворимый аналог, иммобилизованный на поливинилпирролидон (ПВП) и госсипол.

Эксперименты проводились в условиях *in vitro* на митохондриях, выделенных из крыс (8-9 месяцев) по методу дифференциального центрифугирования (Schneider W.C., 1951). Концентрацию малонового

диальдегида определяли взаимодействием тиобарбитуревой кислоты, с помощью спектрофотометра при длине волны 540 нм (Ohkawa H., *et al.*, 1971).

Предварительными результатами было обнаружено, что добавление комплекса мегосина с циклодекстрином и остальных веществ из аналогичного ряда в реакционную смесь имеют антиоксидантное свойство при индукции неферментативного Fe^{2+}/аскорбат - зависимого перекисного окисления липидов. Добавку каждого вещества производили в трех концентрациях: 10^{-7} г/мл, 10^{-6} г/мл и 10^{-5} г/мл был. Антиоксидантные свойства веществ увеличивались прямо пропорционально к их концентрациям. Показатели двух водорастворимых аналогов мегосина оказались близкими друг другу, но они были ниже чем показатели чистого мегосина и госсипола. Однако, преимущество комплекса мегосина с циклодекстрином в том, что он водорастворим, соответственно у него высокая биодоступность в отличии от чистого мегосина и госсипола, которые плохо растворяются в воде и в биологических жидкостях.

БИОЛОГИЧЕСКАЯ АКТИВНОСТЬ МЕГОСИНА В СУПРАМОЛЕКУЛЯРНОМ КОМПЛЕКСЕ С γ-ЦИКЛОДЕКСТРИНОМ

Джумаев А.И., Турдикулова Ш.У.

Национальный Университет Узбекистана им. М. Улугбека
100174, Узбекистан, г. Ташкент, Алмазарский р-н, ул. Университетская, д. 4
Институт биоорганической химии АНРУз
Научно-практический центр высоких технологий
alisher.djumaev.1990@gmail.com

Физико-химические особенности в строении большого количество лекарственных веществ снижают их биологическую и фармацевтическую доступность, что подтолкнуло исследователей разработать различные методы, позволяющие повысить растворимость и проницаемость лекарственного вещества через биологические мембраны. Создание комплексов лекарственных веществ (супрамолекулярные системы) с циклодекстринами (ЦД) зарекомендовала себя как один из эффективных методов.

Количество публикаций и патентов, посвященных промышленному применению циклодекстринов неуклонно возрастает, и по меньшей мере половина из них связано с фармацевтической индустрией. Преимущество потенциального использования, доступность и не в последнюю очередь - экономические причины играют решающую роль в растущем интересе к циклодекстринам в фармацевтической промышленности, что нашло отражение в увеличении числа отзывов по этой теме.

Целью данного исследования явилось получение растворимых форм полифенольных соединений и изучение их свойств для дальнейшего использования в получении фармацевтических препаратов. Планируемые комплексы должны обладать: высокой растворимостью, биодоступностью, стабильностью субстанций, а также улучшить органолептические характеристики, например, маскировка неприятного вкуса или запаха. В процессе проведения работы в качестве лекарственного вещества использовался мегосин – полифенол, производное госсипола, которая имеет активность, подавляющую вирус герпеса (*Herpes simplex*) - вируса, вызывающий поражение кожи и слизистых и модифицированная форма циклодекстрина HP-γ-ЦД (2-hydroxypropyl-γ-cyclodextrin) в количественном соотношении 1:1. Был получен комплексный препарат с высокой степенью растворимости в воде.

Полученный препарат был изучен на токсичность по отношению к раковым клеткам и его противомикробная активность к клеткам пяти штаммов микроорганизмов (*pseudomonas aeruginosa, staphylococcus aureus, listeria monocytogenes, bacillus subtilis, candida albicans*). Результатами предварительного исследования выявлено что, комплекс не имеет токсичность к раковым клеткам и не вызвало их пролиферацию. Противомикробная активность показала более эффективный подавляющий эффект ко всем выбранным штаммам по сравнению с чистым мегосином.

Промежуточные исследования позволяют сделать вывод, что полученный комплекс может быть использован в составе противовирусных и противомикробных лекарственных препаратов.

ИЗУЧЕНИЕ ВОЗДЕЙСТВИЯ НОВЫХ ПРОИЗВОДНЫХ КОЛХИЦИНА НА МИКРОТУБУЛАХ ЦИТОСКЕЛЕТА МЕРИСТЕМЫ *VICIA FABA*

Еникеева З.М.,* Ибрагимов И.Ш.*, Тураев А. **

Республиканский специализированный научно-практический медицинский центр онкологии и радиологии (РСНПМЦОиР),
700174, Ташкент, ул. Фароби 383, Yenikeevazm@gmail.com
Венский Университет, Австрия**

В процессе возникновения культурных растений полиплоидии принадлежала главная роль. Для получения полиплоидов наиболее широко применяется колхицин, под воздействием которого удается получить автополиплоиды почти у любого растения [Атабекова А.И., 1971, Бреславец Л.П.,1963]. Ведутся исследования с целью выявления новых производных колхицина с более значительной способностью вызывать полиплоидию, причем снижению токсичности этих веществ селекционеры придают особое значение.

При изучении цитологического действия ряда производных колхицина на клетки *Allium cepa L.* нами обнаружены вещества, вызывающие разной степени полиплоидию растительных клеток. Наряду с ними обнаружены вещества со способностью ингибировать митоз без проявления полиплоидии с последующей гибелью клеток, т. е. вещества, обладающие значительной противоопухолевой активностью. Эти соединения оказались менее токсичными и более активными, чем колхицин: вещества первой группы - в качестве средств, вызывающих полиплоидию, а второй - в качестве противоопухолевых средств [Еникеева З.М., 2000]. Однако как для первых, так и других веществ для реализации их действия важно их воздействие на тубулины.

По взаимной договоренности с сотрудниками Венского университета, были исследованы на способность к деполимеризации тубулинового скелета некоторые из производных колхицина, обладающих, на наш взгляд, исходя из цитологического теста на *Allium cepa L* тубулиновой активностью, а также из их выраженной противоопухолевой активности. Эффект действия препаратов был проверен на цитоскелете меристемы *Vicia faba*. Эффект подавления микротубул цитоскелета этого растения при воздействии ряда веществ (К-18, К-19, К-20) был ниже, чем у колхицина. Однако некоторые из производных колхицина были гораздо более эффективны, чем колхицин, так, например, К-42, К-41, К-21, К-30, К-5. Два последних вещества, вызывают сильный эффект в дозах 0,01%, в то время как в этой концентрации К-41 и К-21 вызывают эффект, сравнимый с эффектом колхицина, а К-42 не обладает активностью, но при увеличении концентрации до 0,5% его активность выше, чем у колхицина.

Таким образом, эти исследования могут быть важны для отбора веществ, обладающих полиплоидизирующим действием, и в дальнейшем необходимо их действие апробировать на ряде сельскохозяйственных культур для получения новых полиплоидных сортов растений. Важно и то, что все изученные вещества обладают меньшей токсичностью от 25 до 300 раз в сравнении с колхицином, что важно не только для получения новых противоопухолевых, но и препаратов, воздействующих на растения.

НОВЫЕ КОМПЛЕКСЫ ГК И МАСГК С ПРОИЗВОДНЫМИ КОЛХИЦИНА К-18 И К-26

Еникеева З.М., Холтураева Н.Р., Агзамова Н.А., Дильмуродова М.А.

Республиканский специализированный научно-практический медицинский центр онкологии и радиологии (РСНПМЦОиР),
700174, Ташкент, ул. Фароби 383
Yenikeevazm@gmail.com

Стратегию разработки новых антибластических средств определяет селективность, малая токсичность и снижение побочных эффектов.

Известно, что глицирризиновая кислота (ГК) и её соли, такие как моноаммониевая соль ГК (МАСГК), образует со многими лекарственными субстанциями супрамолекулярные комплексы хорошо растворимые в воде. Все исследователи отмечают очень низкую токсичность препаратов (ГК, МАСГК и их производных), созданных на их основе, а кроме того ГК и её производные проявляют выраженное противовоспалительное, противоотечное, гипотензивное, вируснейтрализующее действие.

Ранее нами разработаны и предложены для применения ряд противоопухолевых препаратов, получаемых из тропологоновых алкалоидов: Дэкоцин (К-18), который в виде мази успешно проходит клинические испытания, и разрабатываемый К-26. Однако эти препараты являются не водорастворимыми, что затрудняет как их парентеральное применение, так и биодоступность. Для получения водорастворимых производных нами использован метод молекулярного капсулирования этих препаратов - Дэкоцина и К-26 - низкомолекулярными природными веществами, такими как ГК и её моноаммониевая соль (МАСГК).

Целью настоящего данной работы было получение новых комплексов ГК и МАСГК с производными колхицина и изучение их токсичности и противоопухолевой активности в сравнении с исходными препаратами.

Для получения новых комплексов ГК или МАСГК растворяют в 50% этиловом спирте и смесь перемешивают при комнатной температуре до полного растворения, затем прибавляют К-26 (К-18) растворенного в небольшом объеме этилового спирта в соотношении ГК (МАСГК): К-26 (К-18) =1:4 и 1:2, и реакционную смесь перемешивают в течение 6-12 часов, контролируя ТСХ. На ТСХ видно как меняется R_f нового комплекса в сравнении с исходным соединением. Так, R_f К-18 выше (0,5-0,52), R_f новых комплексов в системе 2 близок к 0,19(1:2)-0,16 (1:4). При соотношении исходных веществ с ГК или МАСГК 1:4 и 1:2 получены 8 новых комплексов К-26 и К-18, отличающихся по R_f, температуре плавления, УФ и ИК-спектрам от исходных соединений.

Изучение острой токсичности полученных комплексов на беспородных мышах показало, что $ЛД_{50}$ комплекса №1(К-18-ГК(1:2) снижена в сравнении с К-18, $ЛД_{50}$ которого составляет 250мг/кг, в 2,5 раза (630мг/кг), комплекса №2 К-18-ГК(1:4) снижена в 6,4 раза (1600мг/кг). Токсичность комплекса №3 К-18- МАСГК (1:2) снижена в 2,3 раза (580мг/кг), а комплекса №4 К-18-МАСГК(1:4) снижена в 5 раз и составляет 1250мг/кг. Также определена острая токсичность комплекса К-26 с ГК в соотношении 1:2 на крысах. По предварительным данным $ЛД_{50}$ этого комплекса составила 180 мг/кг, что было в 2,8 раз больше, чем $ЛД_{50}$ исходного К-26.

Изучение противоопухолевой активности на саркоме 180 комплексов №1 и №2 в разных дозах, показало, что препарат №1 в дозе 75 мг/кг проявляет противоопухолевый эффект в 89/85% (по объему/массе опухолей), в дозе 60 мг/кг - в 24/39%, в дозе 40 мг/кг - в 91/85%, в дозе 20 мг/кг - в 90/97%. Препарат №3, в тех же условиях в дозе 170 мг/кг активен на 77/83%, в дозе 80 мг/кг - на 58/69%, при эффективности исходного К-18 - 58/77%. Активность комплекса №1 подтверждает изучение его влияния на синтез ДНК/РНК, который он ингибирует на 65/70%, также №1 влияет на межнуклеосомную деградацию ДНК на 75%.

Таким образом, можно сделать вывод, что ГК и МАСГК, соединенные с дэкоцином (К-18), как снижают токсичность, так обладают более выраженной противоопухолевой активностью, причем в дозе, близкой к МПД К-18. У комплекса К-26 с ГК в соотношении 1:2 на крысах наблюдается снижение $ЛД_{50}$ в 2,8 раз в сравнении с $ЛД_{50}$ исходного К-26.

ОПИСАНИЕ БАЗЫ ДАННЫХ «ALLIUM-TEST», ИСПОЛЬЗУЕМОЙ ПРИ ОЦЕНКЕ МУТАГЕННОЙ АКТИВНОСТИ ФАКТОРОВ РАЗЛИЧНОЙ ПРИРОДЫ В ЭКСПЕРИМЕНТЕ.

Еноктаева О.В.

ФГБОУ ВО ТюмГМУ Минздрава России
625023, Россия, Тюменская обл, г.Тюмень, ул.Одесская, д.54.
pechkanova@mail.ru

Allium-тест широко используется в экологических исследованиях для мониторинга потенциально опасных факторов различной природы в отношении эукариотических организмов. Данный тест позволяет регистрировать изменения внешних морфологических показателей растений, пролиферацию корневой меристемы и различные типы хромосомных аберраций, возникших в период деления клеток данной ткани.

Электронные таблицы базы данных «Allium-test» (Свидетельство о государственной регистрации база данных № 2017621030) разработаны на основе программы Microsoft Excel. Применение этой базы данных позволяет производить отбор растений, соответствующих требованиям эксперимента, и распределять их по экспериментальным группам с учетом морфологических характеристик, анализировать митотическую сегрегацию корневой меристемы и учитывать различные типы аномалий ядерного материала на всех стадиях жизненного цикла. Использование базы данных также упрощает расчет статистических данных в ходе эксперимента.

База данных «Allium-test» включает в себя следующие вкладки:

Вкладка «День 1 (0 часов)» предназначена для характеристики здоровых луковиц *Allium cepa*, отобранных для проращивания, по следующим критериям: масса луковиц, отсутствие зеленных листьев.

Вкладка «День 3 (48 часов)» [1, 2] предназначена для описания морфологических характеристик корневой системы луковиц: учитывается цвет и длина пяти наиболее крупных корней на каждом растении. Отобранный

материал, соответствующий всем требованиям исследования, распределяют в контрольную и экспериментальные группы.

Вкладка «Контроль» / «Экспериментальная группа» несет в себе информацию о динамике изменения морфологических показателей корневой системы до и после 96 часов воздействия изучаемого фактора.

Для приготовления цитологических препаратов от каждого растения отрезают пять корней наибольшей длины, которые в дальнейшем помещают в фиксатор Кларка на 24 ч при температуре 5°С.

Вкладка «Митотический индекс» позволяют определить долю клеток на всех стадиях жизненного цикла, а так же соотношении нормальных клеток и клеток с аномалиями ядерных структур.

Вкладка «Патологии ядерных структур» позволяет классифицировать зафиксированные аномалии ядерных структур на всех этапах жизненного цикла корневой меристемы.

Преимущества использованию базы данных «Allium-test» следующие:

* всю полученную информацию в ходе эксперимента можно хранить в виде электронных таблиц Microsoft Excel;

* минимальные затраты времени на расчет статистических данных.

Источники информации

1. Iwalokun B.A. Analyses of Cytotoxic and Genotoxic Potentials of Loranthus micranthus using the Allium cepa Test. Current Research Journal of Biological Sciences / B.A. Iwalokun, A.O. Oyenuga, G.M. Saibu // J. Ayorinde. – 2011. – Vol. 3(5). - P. 459-467.

2. Петров С.А., Еноктаева О.В., Субботин А.М., Мальчесвский В.А. Комплексная балловая система оценки воздействия микроорганизмов на пролиферацию клеток корневой системы Allium cepa L // Фундаментальные исследования. 2015. № 7 – 4 С. 687-690.

ТРИХОДЕРМА ЗАМБУРУҒЛАРИНИНГ АНТАГОНИСТИК ХУСУСИЯТЛАРИГА ЭГА ШТАММЛАРИНИ МОЛЕКУЛЯР ТАҲЛИЛИНИ ЎТКАЗИШ УЧУН ТАНЛАБ ОЛИШ

[1]Зупарова Д.М., [2]Аблазова М.М., [1]Қуйсинова Ю.М., [1]Дарманов М.М., [1]Камбурова В.С.

[1] ЎзР ФА, Геномика ва биоинформатика маркази
111215, Ўзбекистон, Тошкент вил., Қибрай тум., Университет кўч., 2-уй.
[2] ЎзР Қ ва СХВ Тошкент Давлат Аграр университети
d.zuparova@mail.ru

Бугунги кунда қишлоқ хўжалиги экинларида касалликларга қарши самарали кураш усулларини ишлаб чиқиш ва уларни амалиётга тадбиқ этиш долзарб масалалардан бири ҳисобланади. Бу борада қишлоқ хўжалик экинларининг касалликларига қарши биологик кураш чораларини қўллаш муҳим аҳамиятга эга. Тупроқда яшайдиган микроорганизмлар орасида *Trichoderma (Pers.) Harz.* туркумига мансуб замбуруғ турлари вилт касалликларига қарши биологик кураш сифатида энг истиқболли антагонист ҳисобланади. Бу замбуруғ турларининг антагонистик хусусиятини ошириш ва уларни амалиётда қўллаш бўйича дунё олимлари томонидан бир қанча тадқиқотлар олиб борилган.

Шуларни эътиборга олган ҳолда, Ўзбекистон шароитидаги тупроқлардан соф ҳолда ажратиб олинган триходерма замбуруғи штаммларини молекуляр жиҳатдан ўрганиш ва ген мухандислиги усуллари ёрдамида уларнинг антагонистик хусусиятини ошириш мақсадида дастлабки материални танлаш учун *Trichoderma* туркумига мансуб замбуруғларнинг 14 та штаммларини антагонистик фаоллиги ғўзада вилт касаллигини қўзғатувчиси Fusarium oxysporum f. vasinfectum ва Verticillium dahliae замбуруғларга нисбатан ўрганилди. Ўрганилган 14 та штаммлар орасидан энг юқори фаолликни намоён этганлари аниқланди. Ушбу штаммларнинг антагонистик фаоллиги ғўзанинг Порлоқ-1 навида ўрганилди. Тадқиқотлар 6 хил вариантда 5 такрорда олиб борилди.

Бу тажрибалар қуйидагича амалга оширилди:

I. Назорат, яъни тупроғига замбуруғ қўшилмаган;

II. Тупроғига *Trichoderma* замбуруғи қўшилган;

III. Тупроғига F. oxysporum f. vasinfectum замбуруғи қўшилган;

IV. Тупроғига F. oxysporum f. vasinfectum билан *Trichoderma* замбуруғлари қўшилган;

V. Тупроғига V. *dahliae* замбуруғи қўшилган;

VI. Тупроғига *V.dahliae* билан *Trichoderma* замбуруғлари қўшилган.

Тадқиқотлар бўйича кузатувлар ғўзанинг вегетация даврининг охиригача олиб борилди. Кузатувлар давомида *Trichoderma* ва *Trichoderma* билан Fusarium oxysporum f. vasinfectum қўшилган вариантларда энг юқори, назорат ва *V. dahliae* билан *Trichoderma* қўшилган вариантларда ўртача ва *V. dahliae* қўшилган вариантда энг паст натижалар кузатилди. Ҳозирда ушбу замбуруғ штаммларининг ДНК си ажратилиб, ПЗР скрининг тадқиқотлари олиб борилмоқда.

ИЗУЧЕНИЕ МЕХАНИЗМА ДЕЙСТВИЯ НОВОГО ПРОТИВООПУХОЛЕВОГО ПРЕПАРАТА КОЛХАМЕТИНА, ПРЕДПОЛАГАЕМОГО РАДИОСЕНСИБИЛИЗАТОРА

Ибрагимов А.А., Ибрагимов Ш.Н., Агзамова Н.А., Абдирова А.Ч., Еникеева З.М.

Республиканский специализированный научно-практический медицинский центр онкологии и радиологии (РСНПМЦОиР),
700174, Ташкент, ул. Фароби 383
adylibh@mail.ru

Введение. Наиболее перспективны для химиолучевого лечения химиотерапевтические препараты, которые вызывают поражение ДНК или вступают в реакции, мешающие репарации ДНК (Гладилина И.А.,2011). Нами разрабатывается в качестве радиосенсибилизатора новый препарат колхаминол (К-2), проявивший высокую противоопухолевую активность,

показанную *in vitro* в NCI, так и нами *in vivo* на ряде перевивных опухолей животных.

Целью исследования было изучение его алкилирующей способности, влияния на топоизомеразу II и МЛУ.

Методы исследования: влияние на синтез ДНК и РНК изучено при помощи спектрофотометрического метода. Влияние препарата на активность топоизомераз и межнуклеосомную деградацию ДНК изучали на опухолевых клетках Саркома 180. ДНК выделяли по методу (Маниатис Т.Ф., 1984). Препараты ДНК анализировали электорофорезом в 1,5% агарозном геле, 60В, 4ч. Результаты определяли по оценке деградации ДНК в сравнении с контрольными вариантами, а также с доксорубицином и этопозидом-ингибиторами топоизомераз I и II. Для изучения экспрессии MDR2 из опухолевой ткани саркомы 180 после лечения животных препаратами были получены тотальные препараты РНК. Затем методом обратной транскриптазы (ОТ) были синтезированы соответствующие препараты кДНК и использованы в работах для изучения экспрессии MDR2 методом ПЦР.

Результаты. К-2 при экспозиции 48ч ингибируют синтез ДНК на 85% и этопозид на 75%, синтез РНК К-2 был подавлен на 70%, этопозидом на 54,2%. По результатам электрофоретического разделения ДНК показано, что при применении К-2 наблюдается фрагментация ДНК виде шлейфа в результате подавления активности топоизомеразы II, которая ингибирона на 75%. Наблюдаемая межнуклеосомная деградация ДНК (в пределах 90%) является терминальной фазой апоптоза и связана с протеолитическим расщеплением специфического белка топоизомеразы II [Якубовская Е.А. и др., 1999]. В этой связи, данные по межнуклеосомной деградации ДНК и активности топоизомераз связаны. Изучение влияния К-2 и этопозида на МЛУ методом ОТ-ПЦР на опухоли саркомы 180 показало, что К-2 подавляет экспрессию гена MDR2 в пределах 70%, а этопозид - на 65%.

Выводы. К-2 подавляет синтез нуклеиновых кислот и активность топоизомеразы II, что в сочетании со свойством снижать МЛУ будет

способствовать его клиническому применению как в качестве цитостатика, так и радиосенсибилизатора.

РАЗРАБОТКА МЕТОДА ПРЕОДОЛЕНИЯ РЕЗИСТЕНТНОСТИ ОПУХОЛЕЙ ПРИ ХИМИОТЕРАПИИ

Ибрагимов А.А., Еникеева З.М.

Республиканский Специализированный Научно Практический Медицинский Центр Онкологии и Радиологии МЗ РУз
100174. г. Ташкент, Шайхантаурский район, ул. Фаробий, 383
adylibh@mail.ru

На современном этапе развития фундаментальной и прикладной онкологии приоритетными задачами являются выявление новых механизмов действия противоопухолевых препаратов на ключевые мишени опухолевой клетки. Достижения последних лет в области молекулярной и клеточной биологии, молекулярной генетики и иммунологии определили основные направления исследований в молекулярной онкологии. В первую очередь это феномен развития множественной лекарственной устойчивости опухолевой клетки в ответ на воздействие противоопухолевых препаратов. Химиотерапия онкологических заболеваний в настоящее время проводится с применением широкого спектра противоопухолевых препаратов: циклофосфан, доксорубицин, винкристин, этопозид, топотекан, иринотекан, паклитаксел, доцетаксел, гемцитабин, винорельбин и т.д. Их эффективность в монотерапии колеблется от 25 до 50%. Схемы современной полихимиотерапии: CHOP (циклофосфан, доксорубицин, винкристин и преднизолон), EP (цисплатин, этопозид), CDE (циклофосфамид, доксорубицин, этопозид), CAV (циклофосфамид, доксорубицин, винкристин) и т.д. Однако, комбинации лекарственных препаратов, различных по структуре и механизмам действия, используемых при интенсивной химиотерапии, оказывают значительное токсическое действие на организм в целом и приводят к развитию множественной лекарственной устойчивости – МЛУ (MDR- multidrug resistance). Представлял интерес исследовать воздействия известных

цитостатиков винкристина (VCR), доксорубицина (DOX), этопозида (ETOP) и новых препаратов К (К-18, К-19, К-42, К-48, дэкоцина и дэковина) на уровень роста резистентных к ним модели клеток дрожжей *Saccharomyces cerevisiae* и на экспрессию гена MDR/Pdr5p методом ОТ-ПЦР. В этой связи блокатор кальциевых каналов верапамил (VER) применяемый в клинике и экспериментах как препарат снижающий лекарственную устойчивость (ЛУ), использованный в наших экспериментах с DOX и ETOP способствовал пролиферации (росту) резистентных клеток *S. cerevisiae*. Напротив, применение К-42 как самостоятельно, так и в комбинации с VER, DOX или с ETOP, способствовало снижению роста резистентных клеток дрожжей. Также к снижению роста резистентных клеток приводила комбинация К-48 с DOX на клетках дрожжей, с полученной резистентностью к DOX. Аналогичные результаты получены и с препаратом дэковином, далее - на животных с опухолями, Саркомы 180 и Акатол, в сравнение с ингибиторами топоизомераз ETOP и DOX методом ОТ-ПЦР. Это позволило количественно оценить экспрессию гена лекарственной устойчивости MDR2. При изучении действия препаратов К на активность топоизомераз I и II была выявлена связь снижения их активности и экспрессии гена MDR2, где чем более подавляется активность топоизомераз новыми препаратами, тем ниже вызываемая ими ЛУ. Также в клетках опухолей леченых К-препаратами, значительно увеличивается экспрессия гена p53 (до 70-80%), что подтверждено методом ОТ-ПЦР и определяет их способность к выраженному апоптозу опухоли, а следовательно к снижению уровня резистентности. К идее снижения резистентности (или перекрестной устойчивости) опухолевых клеток К-препаратами привели следующие, проведенные нами эксперименты. Нами показано, что применение К-42, VER, DOX и ETOP ингибировали рост резистентных клеток S.cerevisiae в пределах 64%, 0,2%, 5% и 9%, соответственно. При применении же комбинаций К-42 в вариантах с VER, с DOX или с ETOP рост резистентных клеток *S.cerevisiae* был ингибирован в пределах уже 40-55%. Следует отметить, что при применении комбинаций VER с DOX и VER с

ЕТОР рост резистентных клеток был выше контроля на 20-30%. Отсюда можно сделать вывод, что применение как К-42, так и других препаратов-К (К-18, дэковин, К-19 и т.д.), уже изученных при самостоятельном воздействие на интактные и резистентные клетки дрожжей и опухолей, и вызывающие снижение ЛУ, можно применять в комбинации с другими противоопухолевыми препаратами, и снижать вызываемую резистентность, которую они вызывают при повторных применениях. Таким образом, в настоящей работе выдвигается такая концепция, К-препараты (К-18, дэковин, К-19, К-42, и т.д.) вызывающие снижение ЛУ, при их применении в комбинации с коммерческими противоопухолевыми препаратами, будут снижать вызываемую ими резистентность. Это будет возможно как в сочетание с любым из коммерческих препаратов, вызывающих резистентность, так и в схемах, применяемых обычно в химиотерапии многократно. Таким образом, нами выявлена очень важная особенность ряда новых противоопухолевых препаратов из трополоновых алкалоидов, снижать формирование резистентности как отдельных коммерческих противоопухолевых препаратов, так и схем, которые далее будут внедряться в онкологию.

ИММУННЫЙ СТАТУС ЖИВОТНЫХ С ОПУХОЛЬЮ САРКОМА 180 ПОСЛЕ ЛЕЧЕНИЯ ОБЛУЧЕНИЕМ И ПРЕПАРАТАМИ К-19 И К-2

Ибрагимов Ш.Н., Еникеева З.М., Агзамова Н.А., Ибрагимов А.А.,
Хасанова Д., Алиева Д.А.,Умаров М.

Республиканский специализированный научно-практический медицинский центр
онкологии и радиологии (РСНПМЦОиР)
100174, Ташкент, ул. Фароби 383

В РОНЦ МЗ РУз разработаны противоопухолевые препараты К-19 и К-2, обладающие высокой противоопухолевой активностью, которые в настоящее время изучаются для применения в качестве радиосенсибилизаторов. Получены данные, что эти вещества обладает свойством усиливать действие облучения при воздействии на мышей и крыс с перевивными опухолевыми штаммами

Саркома 180, солидная опухоль Эрлиха, карциносаркома Уокера (КСУ) и Саркома 45. Поскольку химио- и лучевая терапия способствует усугублению иммунодефицита и угнетению гемопоэза, важно было изучить воздействие новых препаратов совместно с облучением на иммунную систему экспериментальных мывшей с опухолью Саркома 180 на фоне проведенного лечения.

Целью исследования была оценка иммунологического действия К-19 и К-2 как самостоятельно, так и в сочетании с облучением на мышах с Саркомой 180 в сравнении как с эффектом препаратов без облучения, а также в сравнении с облучением.

Материалы и методы. Препараты вводили в терапевтической дозе через 10 суток после инокуляции опухолей трехкратно, ежедневно: 1 раз в день за 16 часов до облучения в суммарной дозе 4,5 Гр., разбитой на 3 дня, т.е. на 1,5 Гр. Облучение мышей с перевитым штаммом Саркома 180 проводили локально на опухоль на аппарате «Teratron-780-E» (источник Co^{60}, мощность 1,25 MeV). Каждое животное фиксировали на специальном фиксаторе, животных экранировали свинцовым блоком со специальным отверстием на месте опухоли. Массу тела животных определяли до введения и в конце опыта. В процессе проведения эксперимента с целью изучения динамики опухолевого роста объемы опухолей замеряли через кожу животных (в 3 проекциях) через 10 и 17 дней после перевивки опухоли и во время забоя. В конце опыта у умерщвленных животных эффективность определяли по объему (V) извлеченной опухолевой ткани, а также по массе опухоли в сравниваемых группах. О переносимости лечения судили по гибели животных, для косвенной оценки возможной гематотоксичности у павших и забитых мышей определяли массу селезенки.

Изучение показателей иммунного статуса в циркулирующей крови и селезенке проводили в день забоя согласно методическим рекомендациям Института иммунологии РФ и Института Иммунологии АН РУз. Статистическую обработку проводили с помощью программы Statistica, версия 6.0. За уровень статистической значимости принимали $p \leq 0,05$.

Результаты. Совместное действие препаратов с облучением способствует увеличению противоопухолевого эффекта облучения на 38-40%. Проведенные исследования показали, что оба препарата способствовали снижению уровня иммунологических показателей, по сравнению с не леченной группой. При применении К-19 не отмечено достоверных различий в экспрессии рецепторов СД4, СД8, СД19, увеличивается процент апоптоза (CD95+клеток) на 44,5%. Препарат К-2 вызывает подавление рецепторов СД4, СД8, СД19 и процент апоптоза (CD95+клеток) увеличивается на 35,2%. При сочетании препаратов с облучением оба препарата выравнивают иммунологические показатели облучения: снижался уровень лейкопении на 31-36% и лимфопении на 31-33%, повышался уровень Т-лимфоцитов (CD3) и их регуляторных субпопуляций CD4 и CD8 и В-лимфоцитов (CD19+), а также количества СД16, при этом отмечалось увеличение процента CD95+ клеток на 40-50%.

Выводы. Применение препаратов совместно с облучением оказывает менее выраженное угнетающее действие на количественные показатели иммунного статуса по сравнению с одним облучением.

БИОТЕХНОЛОГИЧЕСКИЙ ХЛОПЧАТНИК И ГЕН *NPT* II

Имамходжаева А.С., Рузибаев Х.С., Маткаримов М.У.,
Абдираимова Х.М., Адылова А.Т.,

Центр Геномики и биоинформатики АН РУз
Ташкентская область, Кибрайский район, ул. Университетская, д. 2

Создание высокопродуктивных с хорошим качеством сортов сельхоз культур является одним из главных приоритетов науки, которая играет огромную роль в развитии сельскохозяйственной отрасли. Об этом свидетельствует тот факт, что более чем 185,1 млн. га (на 2016 год) по всему миру выращивались десятки улучшенных, высокоурожайных, устойчивых к абиотическим и биотическим факторам сортов сельскохозяйственных культур, которые созданы с помощью современных биотехнологических

методик. Эти методики приводят к насыщению генотипа растений новыми генами (метод «пирамидирования») или же к «замолканию» негативных генов (технология «ген-нокаут»).

В технологии приводящей к замолканию не используют векторные конструкции. И в этих конструкциях, обязательно включали селективные гены, позволяющие проводить первичный отбор трансформантов в селективных условиях. Такими генами являются гены устойчивости к антибиотикам (в частности, неомицинфосфотрансферазе (*nptII*)). Эти гены позволяют проводить отбор трансформированных клеток, при их выращивании на искусственных средах. Однако, после селективного этапа, эти гены не имеют значимой функцией для самого регенерированного организма, куда была трансформирована генетическая конструкция. Их присутствие в их геноме растений становится бесполезным, из-за чего их называют "генетическим нефункциональным грузом", а эффект – непредсказуемым, в связи с чем и поднята задача удаления или выведения из генома таких фрагментов из генома трансформированных регенерантов.

Такая проблема была поднята нами для созданных биотехнологическим методом сортов хлопчатника серии Порлок (Порлок-1, -2, -3, и 4). Нашей задачей является выявление и размножение генотипов хлопчатника, не имеющих в своем геноме селективного гена или его фрагмента. Для этого с помощью молекулярного анализа выполняется отбор генотипов хлопчатника серии Порлок, не содержащих *npt II* из рандомно отобранных образцов с хорошими показателями волокна.

С этой целью из листьев экстрагируется ДНК и с помощью праймерной пары 35S-F 5'-GTTCATTTCATTTGGAGAGG-3', PDK-R 5'-CGT CTT ACA CAT CAC TTG TC-3', специфичной для векторной конструкции проводится ПЦР-скрининг растений на наличие векторной конструкции. Образцы ДНК, показавшие положительные результаты, то есть создавшие ПЦР-продукт, далее анализируется с помощью праймерной пары, специфичной для гена *nptII* - 5'-GGA TCT CCT GCT ATC T-3'; 5'-GAT CAT CCT GAT CGA C-3'. Образцы,

проявившие негативный ответ и были искомыми. Такие растения были отобраны для размножения и дальнейшего, повторного анализа генома.

ЗНАЧЕНИЕ Р-ГЛИКОПРОТЕИНА В ФОРМИРОВАНИИ ЛЕКАРСТВЕННОЙ УСТОЙЧИВОСТИ ПРИ МИОМАХ МАТКИ

Исанбаева Л.М., Кадырова Д.А.

Ташкентский Институт Усовершенствования врачей
100007, Республика Узбекистан, г.Ташкент,ул. Паркентская 51.
Институт биоорганической химии Академии наук Республики Узбекистан,
100125, Республика Узбекистан, г.Ташкент, ул. Мирзо-Улугбека 83.
d.kadyrova1949@mail.ru

Несмотря на безусловные достижения современной гинекологии, проблема повышения эффективности лечения гинекологических больных, по-прежнему, остается крайне актуальной. Если оставить в стороне вопросы ранней диагностики, которая в значительно степени определяет результат лечения, одним из препятствий в достижении желаемого эффекта является развитие лекарственной устойчивости, что является причиной неэффективного лечения. В полной мере это относится и к лечению различных форм миом матки, которые занимают одну из ведущих позиций в структуре болезней репродуктивных органов женщин. Существующая в настоящее время гормональная терапия миомы матки имеет ряд существенных недостатков. После прекращения гормонального лечения у большинства пациенток происходит рецидив клинической симптоматики. Необходимо отметить выраженность побочных эффектов, устойчивость миоматозных клеток к препаратам и большое число противопоказаний к гормональной терапии. Причиной развития резистентности является активация выброса лекарственных препаратов из опухолевых клеток, что приводит к снижению их внутриклеточного содержания и как результат — к неэффективности проводимой терапии. Процесс осуществляется транспортными белками, так называемыми АВС-транспортерами, которые функционируют за счет энергии АТФ. Одним из основных транспортных белков является - Р-гликопротеин,

который является продуктом экспрессии гена MDR1. Экспрессия Р-гликопротеина или кодирующего его гена в ряде случаев коррелирует с эффективностью лечения и прогнозом заболевания (2)

Цель работы: Определение роли транспортного белка Р-гликопротеина, продукта экспрессии гена MDR1 в формировании лекарственной устойчивости при лечении различных миом матки.

Было обследовано 40 пациенток разной возрастной категории с различными формами миом матки. Пациентки были разделены на 3 группы: 1 - простая миома матки (12 пациенток); 2 - прогрессирующая (быстрорастущая) миома матки (18 пациенток); 3 – симптомная миома - нарушение менструального цикла, симптом кровотечения (10 пациенток). В качестве контроля - здоровые доноры (10 доноров). Критериями включения в исследование больных женщин явились: наличие миомы матки у женщин репродуктивного и пременопаузального возраста с разным развитием клинической симптоматики заболевания.

Сравнивали уровень экспрессии гена MDR1 в миомах матки. Функциональную активность Р-гликопротеина, продукта экспрессии гена MDR1 изучали методом обратно-транскриптазной ПЦР. Была проведена количественная оценка экспрессии гена **MDR1** больных с миомами матки. Показано, что у 9 пациенток наблюдалась высокая экспрессия гена MDR1, т.е. эти больные плохо отвечают на проводимое лечение. Полученные результаты свидетельствуют о том, что у пациенток с высокой экспрессией мРНК гена *MDR1* применяемая программа лечения оказывала меньшее противоопухолевое действие. Эти больные имели прогрессирующую миому матки и устойчивый ТТ генотип.

Таким образом, показано, что повышение экспрессии гена MDR1 в процессе терапии является неблагоприятным прогностическим признаком агрессивности течения заболевания и обусловливает отсутствие ответа на проводимое лечение различных миом матки.

МОДЕЛИРОВАНИЕ КАРТИНЫ ВАРИАБЕЛЬНОСТИ НА ПРИМЕРЕ ГЕНОВ HLA И STR ЛОКУСОВ.

Курганов С.К.[1,2]

1-Республиканский центр судебной экспертизы при Министерстве юстиции РУз (РЦСЭ).
Ташкент, Чиланзарский р-н, ул. Чиланзарская, д. 29.
sudex@minjust.gov.uz
2-Министерство Здравоохранения Республики Узбекистан Научно-Исследовательский Институт Гематологии и Переливания Крови.
Ташкент, Чиланзарский р-н, ул. Бунёдкор д. 42-а.
info.niigem@minzdrav.uz

Одна из основных задач при исследовании популяционной системы, состоит в изучении эволюции состояния системы. Обычно “потомки” состоянии системы определяются некоторым законом. Для решения задач, возникающих в математической генетике, используются квадратичные, кубические и т.п. стохастические операторы. В данной работе нами предлагается попытка моделирования картины вариабельности имеющих много аллельных вариантов так, как на примере генов *HLA* и *STR* локусов.

Для решения поставленной задачи были использованы модель Мальтуса и стохастическая модель построенный автором, которые можно использовать для прогнозирования состояния популяции за несколько поколений вперед.

Приведем необходимые сведения из теории квадратичных стохастических операторов[3].

В симплексе $S^{n-1} = \{x = (x_1; x_2; \dots; x_n): \sum_{i=1}^{n} x_i = 1, x_i \geq 0\}$ рассмотрим эволюционный оператор популяции $(Vx)_k = x'_k = \sum_{i,j=1}^{n} P_{ij,k} x_i x_{j,}$ $k = \overline{1,n}$, где $P_{ij,k} \geq 0$, $P_{ij,k} = P_{ji,k}$, $\sum_{k=1}^{n} P_{ij,k} = 1$, $x = (x_1; x_2; \dots; x_n) \in S^{n-1}$.

Условия положенные на коэффициенты $P_{ij,k}$ обеспечивают сохранение симплекса S^{n-1}, *т.е.* $V(S^{n-1}) \subset S^{n-1}$.

Состояние аллелей можно задавать как набор $x = (x_1^0; x_2^0; \dots; x_n^0)$ вероятностей разновидностей. Коэффициенты $P_{ij,k}$ это вероятность появления *к*-той аллели при скрещивании *i*-той и *j*-той аллелей.

При панмиксии(случайное скрещивание), родительская пара аллелей образуется в состоянии x с вероятностью $x_i x_j$. Следовательно,

$x_k = \sum_{ij,k=1}^{n} P_{ij,k} x_i x_j\,,\ \ k = \overline{1,n},$

будет полной вероятностью. Если в некотором поколении аллели находятся в состоянии x, то в следующем поколении она находится в состоянии $x' = Vx$. Если поколении аллелей находиться по модели Мальтуса $x'_k = б_k x_k$, где коэффициент $б_k$ предлагаем находить в следующем виде

$$б_k = \left[1 - \sum_{i=1}^{n} (x_i - x_k) x_i\right],\ \ k = 1, \dots, n\,,$$

тогда эволюционный оператор записывается в виде:

$$V\begin{cases} x'_1 = x_1[1 - (x_2 - x_1)x_2 - (x_3 - x_1)x_3 - (x_4 - x_1)x_4 - \dots - (x_n - x_1)x_n] \\ x'_2 = x_2[1 - (x_1 - x_2)x_1 - (x_3 - x_2)x_3 - (x_4 - x_2)x_4 - \dots - (x_n - x_2)x_n] \\ x'_3 = x_3[1 - (x_1 - x_3)x_1 - (x_2 - x_3)x_2 - (x_4 - x_3)x_4 - \dots - (x_n - x_3)x_n] \\ \qquad . \\ \qquad . \\ \qquad . \\ x'_n = x_n[1 - (x_1 - x_n)x_1 - (x_2 - x_n)x_2 - (x_3 - x_n)x_3 - \dots - (x_{n-1} - x_n)x_{n-1}] \end{cases}$$

Предельное множество траекторий $щ(x^0) = \{x^0, Vx^0, V^2x^0, \dots\}$ для каждой генной аллелей.

Имеются некоторые кретеризации у генов *HLA* которая на следующем поколении естественным путём при скрещивании аллелях не имеются шансов для оплативарения [1]. Если x_s и x_l такие несовместимые аллели,то $P_{sl,k} = 0$.

А также имеются факт подавляющая темпы возникновения мутаций (*м*) в *STR* локусах[2]. Тогда эволюционный оператор записывается в виде: $x'_k = мб_k x_k$.

Список использованной литературы.

1. Meuleman T et al. Paternal HLA-C is a risk factor in unexplained recurrent miscarriage. Am J Reprod Immunol. 2018;79:e12797. https://doi.org/10.1111/aji.12797

2. strbase.nist.gov/mutation.htm

3. Ганиходжаев Р.Н. Квадратичные стохастические операторы ,функции Ляпунова и турниры // Мат. сб., 1992, т.183, № 8. – С. 121–140.

АССОЦИАЦИЯ ПОЛИМОРФИЗМА ГЕНА MDR1 С ЭФФЕКТИВНОСТЬЮ ТЕРАПИИ ПРИ РАКЕ МОЛОЧНОЙ ЖЕЛЕЗЫ

Кадырова Д.А., Исанбаева Л.М.

Институт биоорганической химии Академии наук Республики Узбекистан,
100125, Республика Узбекистан, г.Ташкент, ул. Мирзо-Улугбека 83
d.kadyrova1949@mail.ru

Рак молочной железы (РМЖ) – одно из самых распространенных онкологических заболеваний у женщин. Статистические данные последних лет свидетельствуют о неуклонном, интенсивном росте заболеваемости и смертности от РМЖ, несмотря на значительный прогресс в лечении заболевания. Лечение данной категории больных остается одной из наиболее сложных задач современной онкологии. Основной причиной неэффективности химиотерапии опухоли считают формирование под действием лекарственных средств фенотипа адаптивной множественной лекарственной устойчивости (МЛУ). МЛУ обусловлена повышением экспрессии генов АВС-транспортеров выбрасывающих широкий спектр химиопрепаратов из опухолевых клеток против градиента концентрации с затратой энергии АТФ. Семейство АВС-транспортеров (ATP-Binding Cassette), насчитывает более 50 представителей и наиболее клинически значимым среди них является ген *ABCB1или MDR1*. Доминирующим фактором развития такой устойчивости является повышенная транскрипционная активность гена МЛУ, кодирующего трансмембранный белок - Р-гликопротеин.

Цель работы: Оценить связь полиморфизма гена *MDR1.* с экспрессией в опухоли молочной железы до и после лечения, с эффектом неоадъювантной химиотерапии.

В качестве объекта для исследований были использованы образцы биопсийного материала и кровь пациенток с диагнозом РМЖ (70 больных), до лечения и после 2 курсов неоадъювантной химиотерапии (НАХТ). Возраст больных находился в пределах 25 - 45 лет. Диагноз РМЖ у всех больных был

морфологически верифицирован. У большинства пациенток была сохранена менструальная функция. В качестве контроля была использована кровь здоровых доноров – добровольцев (18 доноров). Всем больным была назначена НАХТ по стандартной схеме FAC, которая содержала циклофосфан, 5-фторурацил, доксорубицин. Основной целью НАХТ является уменьшение объема первичной опухоли (вплоть до полной элиминации).

Проведено определение генотипов онкологических больных, чувствительных к химиотерапии. Методом ПЦР была проведена амплификация ДНК, выделенной из лейкоцитов периферической крови пациенток при РМЖ и здоровых доноров в присутствии полиморфного маркера C3435T гена MDR1. Полиморфный маркер C3435T гена MDR1, представляющий собой замену в нуклеотидной последовательности в положении 3435 цитозина на тимин, является наиболее клинически информативным. Генотипы определяли по критерию присутствия сайта рестрикции. Были выявлены генотипы TT – устойчивый, CT – среднеустойчивый и CC – чувствительный к действию лекарственных препаратов. Результаты генотипирования показали разные варианты генотипов в данной группе больных. Было показано, что у носителей TT - генотипа отмечается нарушение экспрессии гена MDR1 на уровне транскрипции, что приводит к повышению активности гликопротеина-P и быстрому выведению лекарственных средств из организма. В результате, у носителей TT - генотипа вероятно значительное уменьшение концентрации лекарственных средств в крови, что, в свою очередь, приводит к развитию нежелательных лекарственных реакций, побочных явлений и снижению эффекта лечения. Выявление генотипа TT по полиморфному маркеру C3435T гена MDR1 позволяет прогнозировать рецидив заболевания и наличие отдаленных метастазов.

Таким образом, генетический полиморфизм, обусловленный маркером C3435T, может быть важным фактором, определяющим как предрасположенность к онкологическим заболеваниям, так и устойчивость к

лекарственной терапии. Выявление генетических особенностей у пациентов по полиморфному маркеру C3435T гена MDR1 позволяет прогнозировать характер фармакологического ответа, что дает возможность повысить эффективность и безопасность применения ЛС.

ОЦЕНКА РОЛИ ГЕНА-СУПРЕССОРА TP53 В ФОРМИРОВАНИИ ПРОГРЕССИИ РАКА МОЛОЧНОЙ ЖЕЛЕЗЫ

Кадырова Д.А., Исанбаева Л.М.

Институт биоорганической химии Академии наук Республики Узбекистан,
100125, Республика Узбекистан, г.Ташкент, ул. Мирзо-Улугбека 83
d.kadyrova1949@mail.ru

Рак молочной железы (РМЖ) в течение продолжительного времени занимает одно из первых мест в структуре заболеваемости злокачественными новообразованиями среди женщин. В мире нет такой популяции, в которой риск развития РМЖ был бы действительно минимальным. Вопрос изучения механизмов формирования и прогрессии данного заболевания в настоящее время является актуальной проблемой современной медицины. Ситуация усложняется и тем, что картина клинического течения РМЖ характеризуется чрезвычайной вариабельностью: от агрессивного до относительно доброкачественного. Особое место в картине нарушений при РМЖ занимают повреждения генов-онкосупрессоров, в частности гена *TP53*, являющегося ключевым регулятором клеточных процессов. При РМЖ активность *TP53* в значительной мере модифицируется мутациями (до 80% случаев), генетическими полиморфизмами и явлениями потери гетерозиготности, приводящими либо к частичному изменению физиологических функций p53, либо к полной утрате его функциональности. Классический механизм инактивации гена *TP53*, заключается в потере гетерозиготности. Потеря гетерозиготности или аллельный дисбаланс, представляет собой один из механизмов инактивации генов-супрессоров опухолевого роста.

Цель работы: изучение роли нарушений в гене *TP53* при раке молочной железы.

В качестве объекта для исследований были использованы образцы биопсийного материала и кровь пациенток с диагнозом РМЖ (70 больных), до лечения и после 2 курсов неоадъювантной химиотерапии (НАХТ). Возраст больных находился в пределах 30 - 76 лет. Диагноз РМЖ у всех больных был морфологически верифицирован. У большинства пациенток была сохранена менструальная функция. В качестве контроля была использована кровь здоровых доноров – добровольцев (12 доноров). Всем больным была назначена НАХТ по стандартной схеме FAC, которая содержала циклофосфан, 5-фторурацил, доксорубицин. Основной целью НАХТ является уменьшение объема первичной опухоли (вплоть до полной элиминации). Причиной лекарственной устойчивости и прогрессирования заболевания могут быть мутации в гене ***p53,*** развивающиеся в процессе опухолевой трансформации и нарушающие его проапоптотическую функцию. В результате дефектного функционирования данного гена происходит накопление клеток с поврежденным геномом, что лежит в основе опухолевой прогрессии и делает клетку невосприимчивой к химиотерапевтическим препаратам.

Определение уровней мРНК гена ***p53*** в клетках РМЖ после 2 курсов НАХТ проводили методом ОТ-ПЦР с использованием в качестве внутреннего стандарта мРНК р-актина. Отсутствие загрязнений в ПЦР контролировали при замене кДНК пробы на чистую дистиллированную воду. Для определения уровня экспрессии мРНК интегральную оптическую плотность полос, соответствующих ген-специфическим ПЦР - продуктам, нормализовали на оптическую плотность продукта р-актина. Было показано снижение экспрессии гена TP53. Это экспрессии гена TP53 объясняется мутациями в гене. Большая часть этих мутаций обусловлена утратой гетерозиготности, т.е. потерей аллелелей гена TP53, что приводит у инактивации гена – супрессора. Показано, что основным механизмом, приводящим к потере

гетерозиготности, являются мутации в гене TP53. Полученные в исследовании результаты расширяют представления о вкладе гена *TP53* в патогенез рака молочной железы. Данные о связи аллелей и мутаций гена *TP53* с клиническими проявлениями опухолевой прогрессии могут служить основой для разработки дополнительных прогностических критериев заболевания.

ИСПОЛЬЗОВАНИЕ РНК ИНТЕРФЕРЕНЦИИ В БОРЬБЕ С НАСЕКОМЫМИ ВРЕДИТЕЛЯМИ

Камбурова В.С., Убайдуллаева Х.А., Назарова Е.Ф., Абдурахмонов И.Ю.

Центр Геномики и биоинформатики Академии наук Республики Узбекистан
111215, Ташкентская область, Кибрайский район, ул. Университетская, д. 2
venera.k75@gmail.com

Традиционно борьба с вредителями хлопчатника осуществляется с использованием химических инсектицидов, которые позднее были расширены при помощи гена токсина *Cry* из *Bacillus thuringiensis* (Bt), экспрессируемого в трансгенных культурах. Bt-культуры значительно облегчают борьбу с основными сельскохозяйственными насекомыми вредителями и снижают применение инсектицидов у многих культур, включая хлопчатник. Однако в настоящее время существуют примеры, когда возникла устойчивость насекомых против Bt токсинов в нескольких культурах, включая хлопчатник. Это побудило исследователей изучать альтернативные подходы борьбы с насекомыми-вредителями.

В этой связи RNAi может использоваться как альтернативный подход для борьбы с насекомыми вредителями, основываясь на данных, полученных с *Caenorhabditis elegans*, что добавление нематодам в пищу dsRNAs, вырабатываемых *Escherichia coli*, может вызывать подавление экспрессии генов-мишеней. Хотя механизм входа, ответа и эффективности dsRNA у насекомых отличается от такового у *C. elegans*, конститутивная экспрессия dsRNAs с целью влияния на гены насекомых за счет опосредованной

растениями RNAi может вызвать RNAi генов мишеней при скармливании растительных тканей, экспрессирующих ген-специфичные dsRNAs для насекомых.

Первая предварительная методология борьбы с насекомыми вредителями хлопчатника за счет RNAi растений была продемонстрирована Mao et al. (2007), использовавшего dsRNA для гена цитохром P450 монооксигеназы насекомых (*dsCYP6AE14*). Вследствие этого скармливание насекомым тканей растений, экпрессирующих *dsCYP6AE14*, увеличивало уровень *dsCYP6AE14* транскрипта в средней кишке и снижало экспрессию CYP6AE14 у насекомых. Это приводило к замедлению роста личинок из-за непереносимости токсического действия госсипола, а также большей чувствительности к используемым инсектицидам. Более того, комбинированное использование *dsCYP6AE14* и растительных цистеин протеаз, таких как *GhCP1* из хлопчатника (*G. hirsutum*) и *AtCP2* из арабидопсиса, обеспечивает усиленную защиту от круглых червей по сравнению с применением каждого из подходов в отдельности. Увеличенный эффект возникал благодаря улучшению входа *dsCYP6AE14* в клетки насекомых из-за повышения проницаемости перитрофического матрикса за счет действия цистеиновых протеаз.

Аналогичные усилия были предприняты с потенциальными альтернативными генами растений для RNAi-опосредованной борьбы с насекомых вредителями. В экспериментах *in vivo* было показано, что RNAi гена редуктазы 3-гидрокси-3метилглутарил коэнзима А (HMG-CoA редуктаза; *HMGR*), ключевого фермента мевалонатного пути у насекомых, эффективно ингибирует плодовитость самок и существенно снижает уровень mRNA вителлогенина (Vg), демонстрируя перспективу его использования против *H. armigera* и других насекомых вредителей. Также RNAi является ценным инструментом для идентификации ключевых молекулярных рецепторов, обеспечивающих эффективность широко используемых Bt-культур за счет усиления чувствительности к Cry токсинам. Перорально вводимый RNAi

индуктор для гена кадгерина *SeCad1b* значительно снижает чувствительность личинок *S. exigua* к Cry1Ac и Cry2Aa.

Таким образом, проведенный анализ свидетельствует о большом потенциале РНК интерференции для создания сортов хлопчатника, устойчивых к насекомым вредителям.

МОЛЕКУЛЯРНЫЕ МЕХАНИЗМЫ РАЗВИТИЯ ХЛОПКОВОГО ВОЛОКНА

Камбурова В.С., Убайдуллаева Х.А., Назарова Е.Ф., Абдурахмонов И.Ю.

Центр Геномики и биоинформатики Академии наук Республики Узбекистан
111215, Ташкентская область, Кибрайский район, ул. Университетская, д. 2
venera.k75@gmail.com

Хлопчатник является важной сельскохозяйственной культурой, которая широко выращивается и используется для производства как натурального текстильного волокна, так и хлопкового масла. Коммерческие сорта хлопчатника выращиваются более чем в 80 странах на 32-34 млн га с общей ежегодной продукцией 25,65 млн метрических тонн. Использование хлопкового волокна широко варьируется, начиная от производства текстильной продукции до промышленных товаров. Более 150 стран вовлечены в импорт и экспорт хлопчатника. При этом мировой доход оценивается в 500 млрд долларов США в год.

Вместе с тем, наряду с экономической ценностью, хлопковое волокно является одной из наиболее удобных модельных систем для изучения элонгации клеток и клеточной стенки, а также биосинтеза целлюлозы. Хлопковые волокна представляют собой одиночные трихомы семени, происходящие из эпидермальных клеток, и их развитие происходит в четыре этапа: инициирование волокна, удлинение, вторичный биосинтез клеточной стенки и созревание. У *G. hirsutum* волокна линта развиваются до или в день цветения, а подпушек - через несколько дней. Процесс квазисинхронизирован в каждой развивающейся яйцеклетке и среди яйцеклеток внутри каждой коробочки. Инициирование развития волокна подпушка происходит после

начала развития волокна линта, но время развития варьирует в зависимости от генотипа.

Инициали волокна обычно появляются в день цветения [0 день после цветения (DPA)]. Исходя из этого, хронология развития клеток волокна обычно контролируется относительно DPA (отрицательное число указывает на дни появления клеток волокна). Морфологически различные инициали волокна продолжают быстро расти без деления клеток в течение 16-25 дней в течение фазы удлинения и биосинтеза целлюлозы вторичной стенки. Наконец, клетки волокна созревают на 50 – 60 DPA при открывании коробочки, а длинные и зрелые волокна (линт) могут быть отделены от семян.

Молекулярная основа стадии инициации волокон остается в значительной степени неисследованной. Около 15-25% клеток эпидермального слоя дифференцирует и развивается в линт. Процесс инициирования клеток волокна является быстрым и квазисинхронным. Определение судьбы клеток, несомненно, предшествует формированию морфологически видимых инициалей волокна. Большую роль в фазе инициации играют фитогормоны и редокс-состояние клетки. Фаза элонгации волокна является, вероятно, наиболее хорошо изученным периодом развития волокна. Временные границы, отделяющие фазу элонгации от предшествующей фазы инициации и последующей фазы созревания, не являются дискретными, а элонгация, как обычно определяется, находится в пределах от 5 до 20 DPA.

Многочисленные исследования, включая клонирование и экспрессию генов, а также исследования с использованием крупномасштабной характеристики маркерных экспрессируемых последовательностей (EST) и микрочипов экспрессии генов выявили некоторые тенденции в биологическом процессе развития клеток волокна. При этом понимание молекулярных механизмов развития волокна позволит разрабатывать более успешные стратегии улучшения урожайности и качества хлопкового волокна и создавать новые коммерчески успешные сорта.

ИЗУЧЕНИЕ ПОЛИМОРФИЗМА ГЛИАДИНОВ НЕКОТОРЫХ СОРТОВ ПШЕНИЦЫ.

Каршиев Т.О., Махамаджонова М.М., Овлакулов С.Т.

Ташкентский химико-технологический институт
100011, Узбекистан, г.Ташкент, ул. Навоий, д. 32.
tolibk_uz@mail.ru

Глиадины, являясь основной частью эндоспермальных белков зерна пшеницы, представляют полиморфную систему. К настоящему времени установлено, что качество зерна сортов мягкой пшеницы коррелирует с наличием в их электрофоретических спектрах определенных компонентов. Можно предположить, что, поскольку селекционная работа по выведению сортов сельскохозяйственных культур оставлена на отборе по внешним морфобиологическим и хозяйственно-ценным признакам, которые являются, в основном, полигенными, отбор гомозиготных нерасщепляющихся форм классическими методами генетики. Поэтому в настоящее время в ряде стран мира в селекционной практике применяют метод электрофоретического анализа. Этот метод позволяет селекционерам в кратчайший срок провести отбор гомозиготных нерасщепляющихся форм сельскохозяйственных культур. Для исследования были использованы следующие шесть сортов мягкой пшеницы: "Санзар-8", "Ёнбош", "Маржон", "Унумли бугдой", "Шердор", "Санзар-4",-полученные из коллекции НПО "ЗЕРНО", районированные в различных областях Республики. В качестве контроля брали сорт пшеницы "Безостая I". Первоначально исследовали электрофоретический состав глиадинов отдельных зерен каждого сорта, используя для этого по 50 семян. При этом, оказалось, что, за исключением сортов "Санзар-8" и "Ёнбош", все сорта делились на 3-5 электрофоретические группы. Затем, для более детального исследования производили посев всех этих сортов на отдельных делянках и от каждого сорта собирали отдельные колосья (по 200 колосьев). От каждого колоса анализировали по 3-5 зерен, и на основании полученных электрофореграмм каждый сорт был разделен на соответствующие варианты. Эти популяции пшеницы в дальнейшем

оставались гомогенными по электрофоретическому спектру глиадинов. Известно, что электрофоретические компоненты глиадина делится на четыре группы: -γ, -β, -γ, -ω. Для удобства записи этих электрофореграмм предложены электрофоретические формулы. Общая схема разделения глиадинов изученных сортов пшеницы при электрофорезе на полиакриламидном геле представлена на рис.1. Как видно из представленного рис., два сорта, а именно сорт «Санзар-8" и "Ёнбош", оказались гомогенными по электрофоретическому спектру глиадинов, а остальные сорта делились на различные популяции. Сорт "Ёнбош" озимый, среднеспелый, зимостойкий, устойчив к болезням. При сравнении электрофоретических спектров глиадинов сортов "Санзар-8" и "Безостая I" видно, что ряд электрофоретических компонентов является общим для обоих сортов рис.1.

Электрофореграмма глиадинов различных популяций некоторых сортов пшеницы. Рис.1.

Рис. 1. Схема электрофореграмм глиадинов пшеницы: 1, 14, 31 - Безостая -1, 2 - Санзар-8, 3 - Ёнбош, 4 - 7 - Маржон, 8 - 13 - Унумли бугдой, 15-21-Шердор, 22-30 - Санзор - 4

У сорта "Санзар-8" отмечено присутствие 20 компонентов, а у «Безостая I" - 16-18 компонентов. Компоненты, отсутствующие у Безостая I, вероятно, наследованы сортом Санзар-8 от другого родителя - К-17146. В электрофоретическом спектре глиадинов сорта "Ёнбош" обнаружено присутствие 24 компонентов. Остальные изученные 4 сорта по электрофоретическому составу глиадинов оказались полиморфными. Каждый из этих сортов состоял из ряда электрофоретических вариантов.

ИССЛЕДОВАНИЕ ГЕНЕТИКО-БИОХИМИЧЕСКОЙ АНАЛИЗ ЗЕИНОВ РАЗЛИЧНЫХ ЛИНИЙ СЕМЯН КУКУРУЗЫ.

Каршиев Т.О., Махамаджонова М.М., Овлакулов С.Т.

Ташкентский химико-технологический институт
100011, Узбекистан, г.Ташкент, ул. Навоий, д. 32.
tolibk_uz@mail.ru

Впервые возможность использования нового класса генетических маркеров на уровне макромолекул появилась в связи с разработкой методов разделения белков с помощью электрофореза на гелевых носителях. Применение этого метода в генетических исследованиях позволило выявить огромное разнообразие белковых молекул в природных популяциях, а затем, и у культурных растений.

Зеины являются гетерогенными белками и молекулярные массы основных фракций зеинов составляют 27, 22, 19, 16, 15 и 10 кДа. Эта группа белков, на основании их структурного сходства, классифицирована как - (22 и 19кДа), - (15 кДа), - (16-27 кДа), - (10 кДа) зеины. Зеины кодируются семейством более чем 100 генов и поэтому, проявляют генетический полиморфизм. Это явление позволяет использовать электрофоретический спектр зеинов с целью маркирования отдельных линий и форм кукурузы для их биохимической паспортизации, а также для определения степени гетерогенности и гибридности семян культивируемых форм гибридных растений. Нами был исследован электрофоретический спектр зеинов семян некоторых линий и гибридов кукурузы, культивируемых в Узбекистане. В электрофоретическом спектре зеинов различных линий кукурузы обнаружали от 8 до 16 основных компонентов, относительная электрофоретическая подвижность которых составляет 0,10 до 0,55 /рис.1/.

В составе основных фракций электрофреграмм, встречающихся почти во всех изученных линиях, содержатся компоненты с электрофоретической подвижностью 0,22; 0,25 и 0,30. Изученные линии различаются по составу как основных, так и минорных компонентов. Известно, что для получения высоких урожаев кукурузы используют эффект гетерозиса, основанный на

межлинейном скрещивании. Следовательно, отдельные семена каждой линии, в зависимости от их родительских форм и гибридности, могут отличаться друг от друга. Эти различия удобно исследовать электрофорезом зеинов.

При изучении зеинов, экстрагированных из отдельных семян, установили, что ряд линий кукурузы являются гетерогенными по электрофоретическим спектрам белков. Эти все анализированных линии кукурузы отличаются друг от друга по содержанию компонентов с подвижностью 0,14; 0,15; 0,17; 0,18; 0,20; 0,27; 0,33 и так же по количеству зеиновых компонентов. Общими для всех варинатов являются компоненты с электрофоретической подвижностью 0,15; 0,18; 0,20; 0,27; 0,33; 0,39; 0,41 и 0,46.

Рис. 1. Дор. 1,2,3 – Узб.306АМВ F_1. дор. от 4 до 7 – Узб.205 МВ. дор. от 8 до 11 – Узб.205 М F_1. дор. от 12 до 15 – Гк26М. дор. от 16 до 22 – Гк 13. дор. от 23 до 28 – Узб.203 М F_2.

Полученные результаты свидетельствуют о наличии межсортового и межлинейного полиморфизма в составе зеиновых (проламиновых) белков. Следовательно, эти белки, наряду с зеинами можно использовать в качестве маркерных при биохимической паспортизации отдельных линий и форм кукурузы.

МОРФОЛОГИЧЕСКИЙ И МОЛЕКУЛЯРНЫЙ АНАЛИЗ НЕКОТОРЫХ ВИДОВ НЕМАТОД РОДА *MARSHALLAGIA* (NEMATODA: OSTERTAGIINAE) – ПАРАЗИТОВ ОВЕЦ

Кучбоев А.Э., Амиров О.О., Каримова Р.Р.

Институт Зоологии АН РУз
100053, Узбекистан, Ташкент, ул. Богишамол 232б
abdurakhim.kuchboev@mail.ru

Нематоды рода *Marshallagia* (Orloff, 1933) – паразиты сычуга и тонкого отдела кишечника жвачных. Они оказывают значительное влияние на обменные процессы животных-хозяев и могут причинять ощутимый экономический ущерб. В Узбекистане зарегистрировано 6 видов маршаллагий. Однако, до настоящего времени единого мнения о видовом составе рода *Marshallagia* не сложилось.

Задача настоящего исследования - проведение морфологических и молекулярных исследований четырех видов рода *Marshallagia* – паразитов овец Узбекистана.

При этом был использован материал, собранный в 2014-2017 годах при гельминтологических вскрытиях 156 сычугов овец на убойных пунктах в Бухарской и Кашкадарьинской областях Узбекистана. Изучение видового состава и таксономической принадлежности определяли по комплексу морфологических признаков с использованием общеизвестных гельминтологических определителей.

В результате исследований у домашних овец зарегистрировано 4 видов маршаллагий *M. marshalli*, *M. dentispicularis*, *M. schumakovitschi* и *M.trifida*, из них вид *M. schumakovitschi* обнаружен впервые в Узбекистане. По данным исследований *M. marshalli* отличается от остальных видов меньшим размером длины тела, бурсы и дорзального ребра. Вид *M. dentispicularis* отличается от других видов маршаллагий хитинизированным образованием с зубчиками на дистальном конце спикулы. Основной дифференциальный признак вида *M. schumakovitschi* на который обратили особое внимание, что спикулы

разделяются на отростки в конечной их части (примерно на уровне 1/6 своей длины). У *M. trifida* - длина спикул менее 0,25 мм. От середины спикулы делятся на три ветви. Рулек веретеновидный 0,1-0,16 мм в длину. Проксимальный конец его расщеплен на два коротких отростка. Таким образом, при на основе морфологических характеристик и признаков, нами отмечено четрыех видов маршаллагий: *M. marshalli*, *M. dentispicular*is, *M. schumakovitschi* и *M. trifida*. Учитывая изложенное разновидности, нам необходимо в дальнейшем провести молекулярно-генетические исследования, чтобы высказать утвердительно о реальности данных видов.

Анализ нуклеотидных последовательностей нематод от овец Узбекистана показывает их значительное своеобразие. При этом анализ изменчивого участка рибосомальных спейсеров (ITS rDNA) и последовательности митохондриального гена цитохромоксидазы (COI) даёт отличий для дифференциации этих видов рода *Marshallagia*. В результате сравнительных исследований участков ITS-2 рибосомальной ДНК установлено, что различия, обнаруженные в нуклеотидных последовательностей видов *M. schumakovitschi* и *M. trifida* оказались несущественными. Уровень расхождения консенсусных нуклеотидных последовательностей этих участков *M. marshalli* и *M. trifida* составил 0,31 %, что не превысило уровень различий между видами. В последовательности митохондриальной ДНК различия не отмечено. При этом установлена их идентичность, что вид *M. trifida* не является самостоятельным, а лишь разновидностью *M. schumakovitschi*. Различия по ITS-2 и COI генами между видов *M. marshalli* и *M. dentispicularis* оказались существенно выше, чем между *M. schumakovitschi* и составили 2,1 и 16,4 % соответственно. Использование последовательности этих генов дает дополнительные молекулярно-таксономические признаки (нуклеотидные различия) для дифференциации видов трихостронгилид.

ВРЕДОНОСНОСТЬ ПАУТИННОГО КЛЕЩА НА СРЕДНОВОЛОКНИСТЫХ *G hirsitum* L. ГИБРИДНЫХ КОМБИНАЦИЯХ ХЛОПЧАТНИКА СОЗДАННЫХ ПУТЁМ ГЕН-НОКАУТА

Кушаков Ш.О., Мисиров С.

Центр Геномики и биоинформатики Академии наук Республики Узбекистан
111215, Ташкентская область, Кибрайский район, ул. Университетская, д. 2
kushakovsh@umail.uz

Паутинный клещ –Tetranychys urticae, сем. Tetranychidae, отряд настоящих клещей-Acariformes. В последнее время из-за распространения и сосущих вредителей, в том числе паутинного клеща, потери урожая хлопка-сырца достигают до 30-40%. Во многих хлопкосеющих странах мира хлопчатник распространено до 5 видов этого вредителя. В последнее время ведутся исследования по созданию сортов хлопчатника (путём ген-нокаута), устойчивых к паутинного клещу и другим сосущим вредителям. Наше исследование направлено на выявление устойчивых к клещу образцов среди перспективных гибридных комбинации, линий и сортов хлопчатника.

В 2017 году нами исследован ряд гибридных комбинаций, линий и сортов, полученных методом ген-нокаута, по количеству повреждений, нанесенных паутинным клещём растениям хлопчатника. Полевые опыты проводились в 3-х кратной повторности, рендомизированнными блоками на полях экспериментального участка Центра геномики и биоинформатики. Наши исследования показали, что почти при одинаковой численности клеща на растениях устойчивость гибридов, линий и сортов хлопчатника оказалась различной. Эта способность в свою очередь повлияла на плодовитость клеща, так количество откладываемых яиц в сутки, а также продолжительность периода яйцекладки оказалась различной. В полевых естественных условиях плодовитость паутинного клеща колебалась в среднем от 29 до 45 яиц. Средняя продолжительность жизни и яйцекладки составляла от 2 до7 суток, при этом выживаемость составляла 63-65% и отмечалась при развитии на средневолокнистых гибридных комбинациях, линиях хлопчатника у таких,

как: WR-1(BC_1F_1) × Порлок-2, WR-2(BC_1F_1) × Порлок-4 на уровне 4-5балла.Сравнительно низко поражаемыми оказались следующие гибридные комбинации и сорта: Порлок-1, Порлок-2, CSB- 5, CSB- 14, WR-1, WR-2, WR-3, WR-4, с недобором урожая хлопка-сырца на уровне 7-11%. К высоко поражаемым можно отнести следующие: гибридных линии G hirsutum , CSB-9, CSB- 14, CSB- 18, WR-2(BC_1F_1) × Порлок-2,WR-3(BC_1F_1) × Порлок-3,WR-4(BC_1F_1) × Порлок-1, WR-6(BC_1F_1) × Порлок-4, WR-6(BC_1F_1) × Порлок-6, клещем 33-41,2% по 14-22 экз. клеща на лист , недобором урожая хлопка-сырца 15-21%. К средне поражаемым можно отнести следующие: зараженность паутинным клещам G hirsutum WR-2 (BC_1F_1) × Барака, WR-3(BC_1F_1) × Барака, WR-4 по заселенности листьев из расчета на куст на уровне 31-34% и недобором урожая хлопка-сырца 10-14%.

Выявленные низко поражаемым гибридных линии, сорта, могут быть использованы в качестве исходного материала по выделению гена при создании новых высокоустойчивых сортов хлопчатника к паутинным клещам. Продолжаются исследования по выявлению гена устойчивости к паутинным клещам.

РАСПРОСТРАНЕНИЕ ТЛИ НА ГЕН-НОКАУТНЫХ СОРТАХ, ГИБРИДНЫХ КОМБИНАЦИЯХ И ЛИНИЯХ ХЛОПЧАТНИКА

Кушаков Ш.О. , Мисиров С.

Центр Геномики и биоинформатики Академии наук Республики Узбекистан
111215, Ташкентская область, Кибрайский район, ул. Университетская, д. 2
kushakovsh@umail.uz

Ежегодно наиболее вредоносными сосущими насекомыми хлопчатника в Узбекистане являются тля – бахчевая, люцерновая и большая хлопковая, которые повреждают большие площади посевов, нанося при этом значительные потери урожаю и качеству хлопка-сырца. Для получения высоких урожаев хлопчатника, который является основной культурой в агропромышленном комплексе Узбекистана, одно из важных мест занимает

сохранение этой культуры от вредителей. Решение этой актуальной проблемы, напрямую связанное с созданием устойчивых сортов к сосущим вредителям хлопчатника не уступающих по своему качеству лучшим мировым аналогам. В условиях нарастающих темпов научно- технического прогресса решающее значение имеет создание и внедрение в производство высокоустойчивых сортов хлопчатника, что имеет не только важное народнохозяйственное значение, но и является одним из средств борьбы с загрязнением биосферы пестицидами.

Тля-*Aphididae* - подотряд равнокрылых - *Homoptera* хоботных насекомых. В СНГ известно около 1000 видов. В Узбекистане распространена Хлопковая (бахчевая) тля – *Aphis gossipy*, относится к семейству *Aphididae,* Люцерновая тля – *Aphis crascivora Koch,* Большая хлопковая тля *Acyrthosiphon gossigpii Mord***.**

Целью настоящей работы является исследование заселяемости 28 гибридных комбинациях, линиях и сортов средневолокнистого хлопчатника получено путём ген-нокаута: Порлок-1, -2, -3, -4; линии CSB-5, CSB -9, CSB-11, CSB -12, CSB- 14, CSB -15, CSB -16, CSB- 17, CSB-18, CSB- 22, CSB-26, WR-1, WR-2, WR-3, WR-4, WR-5, WR-6; гибридных комбинации WR-1(BC_1F_1) × Порлок-1,WR-2(BC_1F_1) × Порлок-2,WR-3(BC_1F_1) × Порлок-3,WR-4(BC_1F_1) × Порлок-1, WR-6(BC_1F_1) × Порлок-4, WR-6(BC_1F_1) × Порлок-6, WR-1(BC_1F_1) × Порлок-4, WR-1(BC_1F_1) × Порлок-1, WR-1(BC_1F_1) × Барака, WR-1(BC_1F_1) × Барака, WR-1(BC_1F_1) × Барака,WR-1(BC_1F_1) × Барака, а также родительские сорта - С-6524, Наманган-77, Ташкент-6.

Нами в 2017 году проводились исследования ряда ген-нокаутных сортов хлопчатника по количеству повреждений, нанесенных тлёй растениям. Опыты проводились в теплице в 3-х кратной повторности, рендомизированнными блоками на полях экспериментального участка Центра геномики и биоинформатики. Исследования проводились в два этапа:

На первом этапе искусственное заселение проводили на 16 линиях, сортов, где с каждого варианта в учет бралось по два зараженных растения, на

которых устанавливались специальные марлевые садки. Зараженность отмечается по 5-ти балльной системе. На втором этапе проводили учеты наблюдений, проведенных в полевых условиях. Результаты показали, что на у контрольных родительских сортов С-6524, Наманган-77, Ташкент-6, и гибридных линий WR-3(BC_1F_1) × Порлок-3,WR-4(BC_1F_1) × Порлок-1, WR-6(BC_1F_1) × Порлок-4, WR-1(BC_1F_1) × Порлок-4, WR-1(BC_1F_1) × Порлок-1, WR-1(BC_1F_1) × Барака, размножение тли после высадки партеногенетических самок и самцов по 30 экз. на 4-й день позволило выявить отродившиеся яйца, личинки и имаго. При этом общая численность составила от 124,5-125,2 экз./лист и заселение составило почти от 84,2 до 85,1% листьев, что соответствовало 5 баллу заражения. В наших наблюдениях у Порлок-1, Порлок-2, Порлок-3, Порлок и гибридные линии ДЛ-3, ДЛ-5,ДЛ-12 на 4-й день выявлено от 101,1до 102,5 экз./лист, на 8-й день учета от 117,2 до 118,5 экз. (особей), заражение отмечено на уровне 3 баллов. Средне поражаемыми оказались гибридные линии: ДЛ-20, ДЛ-25, ДЛ-27, гибридные комбинации; WR-1(BC_1F_1) × Порлок-1,WR-2(BC_1F_1) × Порлок-2, линии CSB 14, 15, 16, 17, 18, 22, 26, и сравнительно низкопоражаемыми - Порлок-1, Порлок-2, ДЛ-3, ДЛ-5, ДЛ-12, а также CSB-5, и CSB-9. Высоко поражаемыми оценены: контрольные родительские сорта С-6524, Ташкент-6 и гибридные линии WR-3(BC_1F_1) × Порлок-3, WR-1(BC_1F_1) × Барака. Исследования, проведенные в 2017 году, позволили дать оценку гибридных линий, сортов на устойчивости к тле. Абсолютно устойчивых среди гибридных линии и сортов не оказалось. Особенно следует выделить такие ген-нокаутные сорта, как: Порлок-1, Порлок-2, и линии ДЛ- 3, ДЛ-5, ДЛ-12, и CSB- 5, CSB- 9 с недобором урожая хлопка-сырца на уровне 7-10%. Выявленные гибридные линии и сорта могут быть в дальнейшим использованы как доноры в процессе выделения гена и при создании новых высокоустойчивых к тле сортов хлопчатника. Исследования по выявлению гена устойчивости к тле продолжаются

БУҒДОЙДА УЯЛИ АССОЦИАТИВ КАРТАЛАШТИРИШ ПОПУЛЯЦИЯСИНИ ЯРАТИШ

Қуйсинова Ю.М., Норбеков Ж.Қ., Тураев О.С., Зупарова Д.М.,
Дарманов М.М., Макамов А.Х., Кушанов Ф.Н., Буриев З.Т.

ЎзР ФА Геномика ва биоинформатика маркази
111215, Ўзбекистон Республикаси, Тошкент вил., Қибрай тум., Университет кўч. 2-уй
yulduz.quysinova@mail.ru

Буғдой ўсимлиги (*Triticum aestivum*) дунёнинг турли минтақаларида етиштирилиши бўйича асосий экин тури хисобланади. Бугунги кунда буғдой касалликларига қарши курашишнинг энг самарали усулларидан бири бу чидамли навларни яратиш ҳисобланади. Селекция жараёнларида генотипларни фақатгина юқори ҳосилдорлик, оқсил таркиби ва дон сифати каби кўрсаткичларига қараб танлаб олиниши натижасида уларда касалликларга чидамлилик хусусиятларини бошқарувчи генлар фаолиятининг пасайиб кетиши кузатилмоқда. Шунинг учун ҳам дунё селекционер олимлари олдида турган долзарб масалалардан бири, ҳозирда кенг тарқалган буғдойнинг занг касаллигига чидамлилик генларини ўзида узоқ вақт сақлаб турувчи навларни яратишдан иборат.

Замонавий биотехнологик ёндашувлар хусусан, маркерларга асосланган селекция (МАС) технологияси шу каби муаммоларни ҳал етишга ёрдам беради. МАС технологияси асосида касалликларга чидамли навларни яратиш механизми чидамли бўлган бир генотипдан ген/QTLларни бошқа бир чидамсиз генотипга интрогрессия қилишдан иборат.

Марказда буғдой геномини ўрганиш мақсадида ДНК-маркерлардан кенг фойдаланилмоқда. Хусусан, генотиплаш, молекуляр карталаштириш ҳамда халқаро тадқиқотлар натижалари асосида занг касаллигига чидамлилик билан генетик боғланган ДНК маркерлари BARC, CDM, CFA, CFD, GPW, WMC, WMS панели яратилди.

Буғдойнинг уяли ассоциатив карталаштириш популяцияси (УАК) ота она намуналарининг сариқ занг касаллигига чидамлилигини баҳолаш мақсадида уларни марказнинг махсус уруғчилик хўжалигида экиб, сариқ занг

спораси билан сунъий зарарлантирилди. УАК популяциясини яратиш мақсадида умумий оналик шакли сифатида Жайхун нави ҳамда буғдойда сариқ занг касаллигига чидамлиликни баҳолаш таҳлили натижалари асосида, чидамли деб топилган 12 та изоген линиялар донор сифатида танлаб олинди.

Танланган 12 та донор генотиплари Жайхун нави билан ўзаро дурагайланиб, биринчи авлод (F_1) ўсимлаиклари олинди. Ҳозирда барча тадқиқот намуналарида турли фенотипик кузатувлар олиб борилмоқда.

Бундан ташқари, ота-она намуналирида 100 дан ортиқ SSR-маркерлари билан ПЗР таҳлиллари амалга оширилди. Таҳлил натижасида Жайхун нави ҳамда бошқа донор намуналари ўртасида ўзаро полиморф бўлган маркер келгусида уларнинг авлодларини генотиплаш учун ажратиб олинди.

ДИФФЕРЕНЦИРУЮЩИЙ ПОТЕНЦИАЛ SNP-МАРКЕРОВ ДЛЯ ОПРЕДЕЛЕНИЯ ЧИСТОПОРОДНОСТИ КОШЕК МЕЙН-КУН

Миронюк О.С.[1], Снытков Е.В.[1], Кипень В.Н.[1,2]

[1]Белорусский государственный университет, МГЭИ им. А. Д. Сахарова БГУ, г. Минск, Республика Беларусь evsnytkov@gmail.com
[2]ГУ «Научно-практический центр Государственного комитета судебных экспертиз Республики Беларусь», 220090, г. Минск, Республика Беларусь
slavakipen@rambler.ru

Введение. Порода Мейн-кун была выведена в США в 1878 году. Представители этой породы являются крупнейшими в мире: самцы весят до 8 кг, самки – до5,4 кг. Обладают различным окрасом, шерсть длинная. Данная порода изучалась в исследовании, целью которого было определить частоту специфических мутаций гена *MYBPC3*, связанных с гипертрофической кардиомиопатией, у кошек различных пород [1].

Цель и задачи. Цель данного исследование – оценить дифференцирующий потенциал SNP-маркеров для определения чистопородности кошки породы Мейн-кун.

Материалы и методы. Определение генотипа по SNP-маркерам был выполнено с использованием алгоритма SRA Nucleotide BLAST (Sequence

Read Archive Nucleotide BLAST) и программы Unipro UGENE v.1.29. Количество включенных в анализ SNP – 49 [2]. Были использованы SRA-данные по полногеномному секвенированию (NGS), размещенные в открытом доступе на облачном сервисе DNAnexus (http://sra.dnanexus.com/), а также в SRA-NCBI – high-throughput DNA and RNA sequence read archive (www.ncbi.nlm.nih.gov/sra). Число полногеномных прочтений для животных вида *Felis silvestris catus* – 99 (Asian domestic cat – 13; Abyssinian – 2; Bengal – 3; Birman – 4; British Shorthair – 4; Burmese – 6; Devon Rex – 4; Egyptian Mau – 1; Himalayan – 2; LaPerm – 2; Lykoi – 1; Maine Coon – 1; Maine Coon Cross – 10; Napoleon – 6; Oriental Shorthair – 13; Persian – 2; Peterbald – 1; Ragdoll – 2; Selkirk Rex – 5; Siamese – 10; Siberian – 1; Tennessee Rex – 1; Tonkinese – 2). Общее количество проанализированных сиквенсов – 37 993 322 328.

Определение дифференцирующего потенциала SNP-маркеров для определения чистопородности кошки Мейн-кун определяли с использованием ROC-анализа в SPSS v.20.0. При наличии нижней границы асимптотического 95% доверительного интервала более 0,5 для параметра AUC (площадь под кривой) SNP позиционировался как генетический маркер с высоким дифференцирующим потенциалом.

Результаты исследования. Проведенный биоинформатический анализ, направленный на определение генотипа по 49 SNP для 99 животных вида *Felis silvestris catus*, позволил рассчитать частоты встречаемости минорной и мажорной аллелей. Данные результаты легли в основу математического анализа с использованием ROC. Таким образом, наибольшим дифференцирующим потенциалом из числа исследованных для определения чистопородности породы кошек Мейн-кун обладают следующие 9 SNP: rs44083224 (Chr.B1:16760839) – AUC=0,830±0,070; rs43863896 (Chr.D1:18963036) – AUC=0,821±0,063; rs43900856 (Chr.D3:2032897) – AUC=0,811±0,080; rs43774667 (Chr.A1:67542780) – AUC=0,808±0,065; rs43784619 (Chr.A1:138177181) – AUC=0,773±0,096; rs43782026

(Chr.A1:102584429) – AUC=0,705±0,085; rs43776358 (Chr.A1:8098168) – AUC=0,679±0,089; rs44005085 (Chr.C1:120163323) – AUC=0,679±0,089.

Выводы. В результате проведенного анализа определен дифференцирующий потенциал ряда SNP для определения чистопородности породы кошек Мейн-кун. Из 49 SNP отобраны 8 с наибольшим дифференцирующим потенциалом. Данные по SNP будут использованы в дальнейшем анализе с использованием метода многомерного сокращения размерности (MDR, Multifactor dimensionality reduction) по схеме, предложенной в [3,4].

ЛИТЕРАТУРА

1. Longeri, M. A Myosin-binding protein C DNA variants in domestic cats (A31P, A74T, R820W) and their association with Hypertrophic Cardiomyopathy / M. Longeri [et al.] // J Vet Intern Med. 2013. Vol. 27(2). P. 275–285.

2. Ashley Brooks, B. SNP Miniplexes for Individual Identification of Random Bred Domestic Cats / B. Ashley Brooks [et al.] // J Forensic Sci. – 2016. – Vol. – 61(3). – P. 594–606.

3. Кипень, В.Н. Использование полногеномных данных проектов NGS для поиска решения криминалистической задачи по дифференциации диких кабанов и домашних свиней на основе анализа SNP / В.Н. Кипень // В сборнике: Молекулярная диагностика 2017 сборник трудов IX Всероссийской научно-практической конференции с международным участием. 2017. С. 305-306.

4. Кипень, В.Н. Определение «новых» SNP, обладающих дифференцирующей способностью для различения особей Sus scrofa domesticus и Sus scrofa scrofa / В.Н. Кипень, Е.В. Снытков // В сборн. Молекулярная диагностика 2017 сборник трудов IX Всероссийской научно-практической конференции с международным участием. 2017. С. 420-421.

МОДЕЛИРОВАНИЕ ПАНЕЛИ SNP-МАРКЕРОВ С ВЫСОКИМ ДИФФЕРЕНЦИРУЮЩИМ ПОТЕНЦИАЛОМ ДЛЯ ОПРЕДЕЛЕНИЯ ЧИСТОПОРОДНОСТИ КОШЕК МЕЙН-КУН

Миронюк О.С.[1], Снытков Е.В.[1], Кипень В.Н.[1,2]

[1]Белорусский государственный университет, МГЭИ им. А. Д. Сахарова БГУ, г. Минск, Республика Беларусь evsnytkov@gmail.com
[2]ГУ «Научно-практический центр Государственного комитета судебных экспертиз Республики Беларусь», 220090, г. Минск, Республика Беларусь
slavakipen@rambler.ru

Введение. Порода Мейн-кун была выведена в США в 1878 году. Представители этой породы являются крупнейшими в мире: самцы весят до 8 кг, самки – до 5,4 кг. Обладают различным окрасом, шерсть длинная. Данная порода изучалась в исследовании Longeri, M. A. et al. (2013), целью которого было определить частоту специфических мутаций гена *MYBPC3*, связанных с гипертрофической кардиомиопатией, у кошек различных пород.

Ранее нами была показана возможность с использованием данных полногеномных сиквенсных проектов коммерческих пород свиней определить наличие породоспецифичных SNP-маркеров (или SNP-маркеров с высоким дифференцирующим потенциалом) для животных ряда пород свиней и дикого кабана [1-3]. Использование MDR-анализа (Multifactor Dimensionality Reduction) для отбора из совокупности потенциально информативных генетических маркеров именно тех, вклад которых наиболее существенен при решении задачи дифференциации нескольких групп, показан в наших ранних исследованиях [4,5].

Цель и задачи. Смоделировать с использованием MDR-анализа панель генетических маркеров, пригодную для дифференциации животных вида *Felis silvestris catus* породы Maine Coon Cross (MCC) от представителей пород Наполеон (Napoleon, NAP), Oriental Shorthair (ORI), Siamese (SIA), Burmese (BUR), Napoleon (NAP), Selkirk Rex (SR), Birman (BIR), British Shorthair (BRI), Devon Rex (DEV), Bengal (BEN), (Asian domestic cat, ASI), а так-же

охарактеризовать ее с позиций чувствительности, специфичности и общей точности.

Материалы и методы. Определение генотипа по SNP-маркерам было выполнено с использованием алгоритма SRA Nucleotide BLAST (Sequence Read Archive Nucleotide BLAST) и программы Unipro UGENE v.1.29. Количество включенных в анализ SNP – 49 [Brooks A. 2016].

Были использованы SRA-данные по полногеномному секвенированию (NGS), размещенные в открытом доступе на облачном сервисе DNAnexus (http://sra.dnanexus.com/), а также в SRA-NCBI – high-throughput DNA and RNA sequence read archive (www.ncbi.nlm.nih.gov/sra). Число полногеномных прочтений для животных вида *Felis silvestris catus* – 78 (Asian domestic cat – 13; Bengal – 3; Birman – 4; British Shorthair – 4; Burmese – 6; Devon Rex – 4; Maine Coon Cross – 10; Napoleon – 6; Oriental Shorthair – 13; Selkirk Rex – 5; Siamese – 10). Общее количество проанализированных сиквенсов – 25 585 652 390.

Построение модели взаимодействий SNP (определение минимального и достаточного количества генетических маркеров для решения поставленной задачи) проводилось с использованием биоинформатического метода многомерного сокращения размерности (MDR v.3.0.2).

Результаты исследования. В результате ранее проведенного исследования (ROC-анализ) нами было выявлены 9 SNP-маркеров с высоким дифференцирующим потенциалом для кошки породы Мейн-Кун: rs44083224 (Chr.B1:16760839), rs43863896 (Chr.D1:18963036), rs43900856 (Chr.D3:2032897), rs43774667 (Chr.A1:67542780), rs43784619 (Chr.A1:138177181), rs43782026 (Chr.A1:102584429), rs43776358 (Chr.A1:8098168), rs44005085 (Chr.C1:120163323).

В процессе моделирования нами были использованы высоко консервативные настройки поиска конфигурации модели, которые позволили однозначно дифференцировать наличие/отсутствие статистически значимых эффектов: количество атрибутов (attribute count range) – от 1 до n (где n – количество переменных в модели); вос-производимость модели (cross-

validation count) – 10; анализ топ-моделей (track top models) – 1000; поиск конфигурации модели (search method configuration) – exhaustive; классификация ячеек (ambiguous cell assignment) – unclassified.

В результате проведенного моделирования была определена модель, отражающая такое сочетание SNP-маркеров для кошки породы Мейн-Кун, которое позволило наилучшим образом отличить животных этой породы от других пород в рамках данной работы. В частности, модель включала в себя один SNP – rs43863896 (Chr.D1:18963036), – и имела следующие характеристики: adj. Balanced accuracy – 0,8645, Sensitivity – 1,0, Specificity – 0,8372, Cross Validation Consistency – 9/10.

Выводы. Таким образом, нами предложена и охарактеризована модель, включающая SNP-маркер, с помощью которой имеется возможность с высокой точностью – 86,45%, – отличить чистопородных домашних кошек породы Мейн-Куп (MCC) от особей других 10 пород кошек (Наполеон (NAP), Asian Shorthair (ASI), Oriental Shorthair (ORI), Maine Coon Cross (MCC), Siamese (SIA), Burmese (BUR), Selkirk Rex (SR), Birman (BIR), British Shorthair (BRI), Devon Rex (DEV), Bengal (BEN)). Однако для увеличения специфичности предложенной модели необходим дальнейший поиск SNP, обладающих высоким потенциалом в дифференциации данной породы кошек.

Полученные нами результаты могут лечь в основу создания панели SNP-маркеров для определения чистопородности особей породы Мейн-Куп вида *Felis silvestris catus*.

ЛИТЕРАТУРА

1. Кипень, В.Н. Использование полногеномных данных проектов NGS для поиска решения криминалистической задачи по дифференциации диких кабанов и домашних свиней на основе анализа SNP / В.Н. Кипень // В сборнике: МОЛЕКУЛЯРНАЯ ДИАГНОСТИКА 2017 сборник трудов IX Всероссийской научно-практической конференции с международным участием. 2017. С. 305-306.
2. Кипень, В.Н. Моделирование панели породоспецифичных SNP-маркеров для определения чистопородности домашних свиней крупной белой породы / В.Н. Кипень // В сборнике: МОЛЕКУЛЯРНАЯ ДИАГНОСТИКА 2017 сборник трудов IX Всероссийской научно-практической конференции с международным участием. 2017. С. 396-397.

3. Кипень, В.Н. Определение «новых» SNP, обладающих дифференцирующей способностью для различения особей Sus scrofa domesticus и Sus scrofa scrofa / В.Н. Кипень, Е.В. Снытков // В сборнике: МОЛЕКУЛЯРНАЯ ДИАГНОСТИКА 2017 сборник трудов IX Всероссийской научно-практической конференции с международным участием. 2017. С. 420-421.
4. Кипень, В.Н. Роль полиморфных вариантов в генах семейства P450 в модификации риска развития рака молочной железы – исследование по типу случай-контроль с использованием MDR-анализа / В.Н. Кипень, Е.В. Снытков, Н.С. Смольник, С.Б. Мельнов // В книге: Сахаровские чтения 2017 года: экологические проблемы XXI века Материалы 17-й международной научной конференции. В 2-х частях. Под общей редакцией С.А. Маскевича, С.С. Позняка. 2017. С. 165-166.
5. Кипень, В.Н. Сочетанное наличие патогенетически значимых полиморфных вариантов в генах, ответственных за контроль фолатного цикла и метилирование ДНК de novo, в увеличении риска развития рака молочной железы / В.Н. Кипень, Е.В. Снытков, С.Б. Мельнов // В книге: Сахаровские чтения 2017 года: экологические проблемы XXI века Материалы 17-й международной научной конференции. В 2-х частях. Под общей редакцией С.А. Маскевича, С.С. Позняка. 2017. С. 167-168.

ҒЎЗАНИНГ РЕКОМБИНАНТ ИНБРЕД ЛИНИЯЛАР (РИЛ) ПОПУЛЯЦИЯСИДА ТОЛА ПИШИҚЛИГИНИ QTL ХАРИТАЛАШ

Макамов А.Х., Салахутдинов И.Б., Хуршут Э.Э., Дарманов М.М., Тураев О.С., Норбеков Ж.Қ., Қўйсинова Ю.М., Холмурадова М.М., Адилова О.Т., Шерматов Ш.Э., Буриев З.Т., Абдурахмонов И.Ю.

ЎзР ФА Геномика ва биоинформатика маркази
111215, Ўзбекистон Республикаси, Тошкент вил., Қибрай тум., Университет кўч. 2-уй
amakamov@gmail.com

Текстил саноати учун сифатли ип ва мато тайёрлашда тола пишиқлиги муҳим ҳисобланади. Ғўза ўсимлигининг тола сифати мураккаб генетик табиатга эга бўлганлиги сабабли, анъанавий селекция йўли билан юқори сифатли ғўза навларини яратиш узоқ вақт талаб этади. Молекуляр генетика усули ёрдамида тола пишиқлигига алоқадор бўлган геном регионларини маркерлаш орқали юртимизда муваффақиятли амалга оширилаётган маркерларга асосланган селекция (MAC) дастурини қўшимча маркерлар билан бойитишда жуда муҳим ҳисобланади.

Ғўзанинг (*G. hirsutum L.*) хромосомаси алмаштирилган линиялари (CS-B) ўзида ингичка толали ғўза турининг (*G. barbadense L.*) бир жуфт хромосомаси ёки унинг жуфт бўлакларига эга бўлганлиги учун морфологик ва қимматли хўжалик белгиларни ўрганишда қимматли материаллар ҳисобланади. Шунингдек, CS-B линиялар билан маҳаллий навларни дурагайлаш йўли билан яратиладиган рекомбинант инбред линияларлар (РИЛ) популяцияси қимматли хўжалик белгиларга алоқадор бўлган генларни хариталашда зарур ҳисобланади. Ушбу тадқиқот учун CS-B25 ғўза линияси билан маҳаллий Ан-Баявут-2 нави иштирокида олинган РИЛ популяцияси ва уларнинг ота-она генотиплари бошланғич материал сифатида танлаб олинди. Мазкур мақоланинг мақсади РИЛ популяцияни SSR (оддий такрорланувчи нуклеотидлар изчиллиги) микросателлитлар ёрдамида тадқиқ қилиб, тола пишиқлиги билан бириккан *QTL* локусларини хариталашдан иборат.

РИЛ популяцияси ва уларнинг ота-она намуналари икки йил давомида алоҳида кўчатзорларда ўрганилиб, улардан йиғиб олинган пахта намуналарида тола сифати ва агрономик кўрсаткичлари лаборатория шароитида таҳлил қилинди. Толанинг сифат параметрлари республика тола сифатини сертификациялаш “СИФАТ” марказида HVI (High Volume Instrument) ускунасида анализ қилинди. Шунингдек, РИЛ популяциянинг ота-она генотиплари 884та SSR микросателлитлар ёрдамида ПЗР (полимераза занжирли реакция) скрининг қилиниши натижасида аниқланган 54та полиморф маркерлар билан популяциянинг 93та индивид линиясида генотипик таҳлиллаш ишлари амалга оширилди. Жамланган фенотипик ва генотипик маълумотлар асосида популяциянинг генетик харитаси *JoinMap* компьютер дастури ёрдамида тузилди. Унга кўра, LOD (генетик бирикканликнинг ишончли коэфиценти; унинг қиймати 2.0дан юқори бўлганда ишончли ҳисобланади) қиймати 10дан юқори бўлган 3 та бирикиш гуруҳлари (*LG-linkage group*) аниқланди. Ушбу *LG* гуруҳлар ғўзада генетик хариталашга оид адабиётлар маълумотларига таққосланганда, 9, 20 ва 22-хромосомалар эканлиги маълум бўлди. Ўз навбатида, олинган натижалар *Win*

QTL Cartographer дастурида анализ қилиниши натижасида 9 ва 20 хромосомаларда жойлашган маркерларнинг тола пишиқлиги белгисига генетик ассоциацияланган 5та QTL локуслари аниқланди. Ушбу QTL локусларидан 4таси 5.9 - 7.8 оралиғидаги LOD қийматлари билан 9-хромосомада ва 4.4 LOD қиймати билан 1таси 20-хромосомада жойлашган. 9-хромосомада аниқланган тўртта QTL локусларидан иккитаси 2015-2016 йилларда ўрганилган икки йиллик тола пишиқлиги маълумоти билан хромосоманинг бир хил регионидаги BNL1317 - Gh118 маркерлари ўртасида (LOD=6.2) генетик бирикканликни намоён этган бўлса, қолган иккитаси 2016 йилдаги ушбу белгининг ўртача маълумотлари асосида BNL4028 - BNL1414 ва BNL1414 - Gh247 маркерлар ўртасида (LOD=5.9 ва 7.9) аниқланди. Хромосоманинг бир хил регионида бир нечта такрорий ва бир неча йиллик маълумотларнинг такрорий кузатилган QTL локусларига барқарор локуслар деб номланиб, бундай QTL локуслар MAC дастурида муваффақиятли тажриблар олиб боришда катта аҳамиятга эга. Шунингдек, 20-хромосомада жойлашган TMB0812 ва BNL3660 маркерлар оралиғида тола пишиқлиги белгиси билан бириккан 1та QTL локуси (LOD=4.4) аниқланди. Кўпгина адабиётларда 9-хромосоманинг BNL1030, BNL1317 ва BNL1414 маркерлари жойлашган регионы тола сифати белгиларига (тола узунлиги, пишиқлиги ва ингичкалиги) энг бой хромосома локусларидан эканлиги таъкидланган. Бу эса мазкур тадқиқотда олинган натижаларни тўғрилигини кўрсатади.

Хулоса ўрнида таъкидлаш ўринлики, РИЛ популяциясида тола пишиқлиги белгиси билан бириккан бешта миқдорий белгилар локуслари аниқланди. Ушбу локуслар ва уларга бириккан ДНК маркерлари келажакда тола сифати юқори бўлган ғўза навларини MAC усули ёрдамида яратишда қимматли қурилма сифатида фойдаланилади.

ОТНОШЕНИЕ *BIFIDOBACTERIUM BIFIDUM* SP.5 И *BIFIDOBACTERIUM BIFIDUM* SP.6 К РАЗЛИЧНЫМ КОНЦЕНТРАЦИЯМ ЖЕЛЧИ

Маматкулова Ф.А., Маматкулова Д.А., Хамидова Х.М., Черкасова Г.В.

ЎзР ФА, Геномика ва биоинформатика маркази
111215, Ўзбекистон Республикаси, Тошкент вил., Қибрай тум., Университет кўч., 2 уй.
ms.feruzochka95@mail.ru

С антагонистической активностью к болезнетворным бактериям и грибам. Поэтому они могут являться альтернативой антибиотиков (Тагиров Х.Х, Вагапов Ф.Ф. 2012).

Пробиотики применяются для лечения и профилактики инфекционных болезней, повышения резистентности, коррекции нормофлоры после антибиотико - и химиотерапии, профилактики диареи и стрессе стимуляции продуктивности и повышения темпов роста. Они могут успешно применятся для повышения продуктивности животных, перевариваемости кормов, снижения затрат на единицу продукции и получения экологически чистой животноводческой продукции.

В настоящее время пробиотики рассматриваются как альтернатива антибиотикам. Применение пробиотиков после антибиотикотерапии способствует нормализации состава кишечной микрофлоры, улучшению пищеварения, повышению иммунитета и естественной резистентности (Соколенко Г.Г. и другие, 2015).

Актуальностью использования пробиотических препаратов обусловлена, прежде всего, их широким спектром действия на организм животного. Культуры, входящие в состав пробиотиков, выполняют такие важные функции, как ферментативная, иммунная, витаминно-образующая (Лыкова Е.А. и другие, 2000).

Материалы и методы исследований. Объектом исследования служили здоровые телята 3-х месячного возраста. Исследовалось содержимое толстого кишечника-фекалии. Из отобранных образцов фекалий готовили серийные десятикратные разведения в стерильном физиологическом растворе. Для

количественного определения числа бактерий проводили посев в жидкую среду Блаурока для бифидобактерий.

После трех суточночного культивирования в среде Блаурока, содержащей желчь в различных концентрациях, титр клеток составил.

Таблица

Отношение *Bifidobacterium bifidum sp.5 Bifidobacterium bifidum sp.6* к различным концентрациям желчи

	20%	30%	40%	50%
Bifidobacterium bifidum sp.5	10^7	10^4	10^7	10^6
Bifidobacterium bifidum sp.6	10^{10}	10^9	10^{10}	10^{10}

Так как бифидобактерии являются строгими анаэробами, обладающимися пробиотическими свойствами, и из таблицы можно сказать, что выделенные культуры *Bifidobacterium bifidum sp.5 Bifidobacterium bifidum sp.6* наиболее проявляют свою активность при 20% и 40% концентрациях желчи.

СПИСОК ИСПОЛЬЗОВАННОЙ ЛИТЕРАТУРЫ

1. Соколенко Г.Г., Лазарев Б.П., Миноченко С.В., журнал. Технология пищевой и перерабатывающей промышленности АПК-продукта здорового питания. 2015, вып. № 1 (5), – С. 72-73.

2. Тагиров Х.Х., Вагапов Ф.Ф. Особенности роста и развития бычков чернонестрой породы при вскармливании пробиотической кормовой добавки Биогумитель. Журнал. Известия Оренбургского государственного аграрного университета. 2012, вып. № 6 (38). – С. 38-40.

3. Лыкова Е.А., Мурашова А.О, Бондаренко В.М // Рос. педиатр. жур. Нарушение микрофлоры кишечника у детей с аллергическими дерматитами и их коррекции, 2000, вып. № 2. – С. 20-24. С целью нормализации и активизации метаболических процессов в организме сельскохозяйственных животных стали использовать пробиотические кормовые добавки. Они по своей сути являются живой микробной добавкой к корму и оказывают стимулирующее действие на организм, нормализуют микробиоценоз кишечника и обладают.

ОТНОШЕНИЕ *BIFIDOBACTERIUM BIFIDUM SP.5 И BIFIDOBACTERIUM BIFIDUM SP.6* К РАЗЛИЧНЫМ КОНЦЕНТРАЦИЯМ СОЛИ NACL

Маматкулова Ф.А., Маматкулова Д.А., Жураева У.М., доц., Магбулова Н.А.,

Национальный Университет Узбекистана имени МирзоУлугбека
Узбекистан, г. Ташкент, Алмазарский р-н, ул. Университетская
ms.feruzochka95@mail.ru

Кишечный тракт новорожденных в первые часы жизни стерилен, но уже через 10-12 ч он населяется микроорганизмами, при этом кишечная микрофлора впервые 2-3 дня жизни носит еще случайный характер. В дальнейшем господствующее положение приобретает грамположительная анаэробная молочнокислая флора, которая вырабатывает (при расщеплении лактозы) молочную кислоту, подавляя тем самым развитие любой иной, особенно гнилостной, флоры в кишечнике ребенка. Бифидобактерии являются, по-видимому, весьма полезным фактором, защищающим малоустойчивый организм грудного младенца от кишечных расстройств. Наряду с бифидобактериями в относительно небольшом количестве развивается и другая молочнокислая микрофлора. Это так называемая «bifidum-флора» фекалий младенца, чрезвычайно характерная для кишечного содержимого грудных детей, она обычно удерживается до 1 года, когда начинается прикармливание ребенка и прекращается вскармливание материнской грудью (Верещагина Т.Г. и др. 2001).

В течение дальнейшей жизни микробный пейзаж кишечника постепенно сменяется микрофлорой взрослых. В кишечнике взрослого человека насчитывается около 500 видов микроорганизмов. Преобладающей микрофлорой являются облигатные анаэробы, которые превышают количество факультативных анаэробов и аэробов в 100-1000 раз (Оболенский В.Б.2004).

Кишечная стенка в нормальном состоянии практически непроницаема для микроорганизмов. Нарушение ее целостности приводит к вторжению бактерий из кишечника в стерильные внутренние ткани и полости тела

(транслокация), в результате чего развиваются тяжелые заболевания часто с летальным исходом (Борисов Л.Б. 2005).

Микрофлора кишечника обеспечивает газовый состав и кинетическую регуляцию его деятельности, водно-солевой обмен, продуцирует биологически активные соединения, обладает детоксицирующей активностью, обеспечивает продукцию витаминов. Нормальная микрофлора кишечника защищает его от колонизации патогенными и условно-патогенными бактериями, обеспечивая колонизационную резистентность.

Материалы и методы исследований. Объектом исследования служили здоровые телята 3-х месячного возраста. Исследовалось содержимое толстого кишечника-фекалии. Из отобранных образцов фекалий готовили серийные десятикратные разведения в стерильном физиологическом растворе. Для количественного определения числа бактерий проводили посев в жидкую среду Блаурока для бифидобактерий.

Так как бифидобактерии являются строгими анаэробами, обладающимися пробиотическими свойствами, и из проделанных работ можно сказать, что выделенные культуры *Bifidobacterium bifidum sp.5 Bifidobacterium bifidum sp.6* наиболее проявляют свою активность при 4% и 6% концентрациях соли NaCl.

ОТҚУЛОҚ (*R. CRISPUS*) ПЕРОКСИДАЗА ФЕРМЕНТИНИНГ ҲУЖАЙРА ДЕВОРИ БИЛАН КУЧСИЗ БОҒЛАНГАН ВА ЭРУВЧАН ФОРМАСИНИ ЎРГАНИШ

Махкамов С.А., Файзиев В.Б.

Мирзо Улуғбек номидаги Ўзбекистон Миллий университети,
100174, Ўзбекистон, Тошкент ш., Талабалар шахарчаси
sardor-maxkamov@mail.ru

Одатдаги катализаторларга нисбатан ферментларни ишлаб чиқариш, фан ва тиббиётнинг турли соҳаларидаги энг истиқболли жараёнларида қўлланилиши кўплаб афзалликларни намоён қилади. Ишлаб чиқаришдаги биокаталитик жараёнларда турли-туман ферментлардан фойдаланилади,

бироқ оксиредуктазалар хусусан ўсимлик пероксидазалари катта қизиқиш уйғотади. Классик пероксидаза иккита компонентли фермент бўлиб, фаол марказ ва оксидловчига нисбатан юқори спецификликни намоён қилувчи вадород пероксиди коллоидли оқсил “ташувчиси” рўлларини бажарувчи фаол гуруҳлар (протогематин IX) бирлашмасидан иборат. Пероксидаза олиш замонавий технологияси кўп меҳнат талаб қиладиган, кам маҳсулот берувчи ва мавсумий хомашё қўлланилиши, қиммат турувчи хорижий хромотографик сорбентлар қўлланилиши билан боғлиқ. Бу эса ўз навбатида ферментнинг юқори қийматини белгилайди. Шу сабабли пероксидазанинг янги ўсимлик манбаларини аниқлаш ва уни ажратиб олиш усулларини излаш долзарб масала ҳисобланади.

Бугунги кунгача пероксидаза ферменти хрен, картошка, редиска, буғдой, соя каби қатор ўсимликлардан ажратилган бўлиб, уларнинг барчасидан ажратилган пероксидазалар активлиги, изофермент спектри каби хусусиятлари билан бир-биридан фарқланиши аниқланган бўлсада, улар учун умумий бўлган икки хил яъни ҳужайра девоир билан кучсиз боғланган ва эрувчан формаси учрайди. Бу ўз навбатида ўсимликларнинг турли касалликларга, турли табиий омилларга чидамлилигини аниқлашда муҳим ҳисобланади, турли ўсимликларда бу ферментларнинг миқдори фарқланиши ҳақидаги фикрлар бир қатор муаллифлар томинидан таъкидлаб ўтилган, шунинг учун ушбу тадқиқотда отқулоқ (*R.crispus*) ўсимлиги баргидаги бу ферментларнинг миқдорини ўрганиш мақсад қилиб олинди.

Бунинг учун отқулоқ ўсимлиги барг тўқимасидан тайёрланган икки хил фермент намунаси (ҳужайра девори билан кучсиз боғланган ва эрувчан формаси) ажратиб олинд. Ҳар икки фермент намунасининг активлиги ФЕК қурилмаси ёрдамида аниқланди.

Шундай қилиб, олинган натижаларга кўра ўсимлик таркибида 2 тур ҳужайра девори билан кучсиз боғланган ва эрувчан пероксидазани формасининг учраши, отқулоқ ўсимлигидаги фермент активлиги ўрганилганда, шу ўсимлик баргида ҳужайра девори билан кучсиз боғланган

пероксидаза ферментининг активлиги 1,68 Эд/мг, эрувчан пероксидаза ферментининг активлиги эса 1,73 Эд/мг эканлиги аниқланди.

О НЕКОТОРЫХ МЕТОДАХ ПЕРЕНОСА ДНК В ГЕНОМ РАСТЕНИЙ

Махкамова А.Ш.[1], Никитина Е.В.[2], Имамходжаева А.С.[1]

[1]Центр Геномики и биоинформатики Академии наук Республики Узбекистан
111215, Ташкентская область, Кибрайский район, ул. Университетская, д. 2
[2]Институт «Ботаника» АНРУз, Ташкент, ул. Дурмон йули, 32

В последние десятилетия ученые строят неутешительные прогнозы относительно быстрорастущего потребления сельскохозяйственных продуктов на фоне снижения площади посевных земель. Решение данной проблемы возможно с помощью технологий получения трансгенных растений, направленных на эффективную защиту сельскохозяйственных культур и увеличение урожайности.

Существует несколько разных методов доставки ДНК в клетку. В целом, все способы переноса ДНК в растения можно разделить на несколько больших групп. Первая группа включает природные системы переноса генов – агробактериальные и вирусные векторы и способы доставки. Вторая группа – это искусственные системы переноса, которые можно разделить на две подгруппы: прямое введение ДНК путем достижения проницаемости протопластов и клеток химическими (полиэтиленгликоль), физическими (электропорация, ультразвук) или механическими способами (кристаллы карбида кремния, лазер) и использование искусственных векторных систем – микрочастиц, микроинъекций или липосом. В третью группу можно включить различные методы, которые в отличие от первых двух не требуют культуры *in vitro* и их обычно называют методами трансформации *in planta*. Из всех этих методов наибольшее практическое применение в настоящее время получили ***агробактериальный метод, биолистический и прямой перенос генов в***

протопласты. Другие же способы по ряду причин не нашли широкого применения [1].

Агробактериальный метод трансформации растений – это использование в качестве векторов (переносчиков ДНК) бактерий *A.tumefaciens*, или, более редко, *A.rhizogenes*. Он основан на способности патогенного организма *Agrobacterium* переносить из своей Ti-плазмиды в растительные клетки определённые фрагменты ДНК. Благодаря этому, нативные штаммы *Agrobacterium* способны встраивать в геном растений различные гены, отвечающие за синтез эндогенных фитогормонов, опинов - производных аминокислот и сахаров. Ti-плазмиды могут выступать в качестве биологического вектора для переноса больших фрагментов ДНК (до 50 тыс. п.н.): имеют набор генов вирулентности (VirA, B, C, D, E и G), координированное действие которых обеспечивает перенос и интеграцию переносимой ДНК (Т-ДНК); консервативные 24х нуклеотидные прямые повторы, которые фланкируют Т-ДНК и выступают в качестве сигналов узнавания системы переноса ДНК; район Т-ДНК, который может быть заменен на интересующий ген.

Биолистический метод заключается в том, что металлическим частицам (диаметр 1-4 мкм), покрытым ДНК, придается определённая скорость, они проникают через стенки интактных клеток и вносят в них молекулы ДНК. Ключевым преимуществом биолистического метода, или бомбардамента (переноса ДНК с помощью микрочастиц), является то, что ДНК может быть встроена практически в любую ткань независимо от генотипа. Для однодольных и голосеменных, могут возникать трудности при трансформации агробактерией. В этих случаях можно использовать метод бомбардировки.

Техника прямого переноса представляет собой инкубацию растительных протопластов с ДНК таким образом, что ДНК проникает в ядра клеток. Растительные клетки обрабатываются ферментами, разрушающими целлюлозную стенку клетки, в результате чего становится возможным перенос чужеродной ДНК. Доставка ДНК в протопласты не представляет

особых сложностей, основная проблема – это регенерация из них растений. Часто требуется разработка протокола регенерации даже для отдельных сортов, не говоря уже о видах, что ограничивает применение этого метода.

ЛИТЕРАТУРА

1. Avijit T., Madhu K., Arul P., And J., Jasdeep C. *Transgenic Plants: Issues and Future Prospect*s// In book: Biotechnology, V.2, p.337-375.

ANACANTHOTERMES AHNGERIANUS JACOBS ИШЧИ ТЕРМИТЛАРИ ОММАТИДИЯЛАРИДАГИ РАДОПСИННИ МОЛЕКУЛЯР КЛОНЛАШ

Мирзажонова Г.С., Армин Ҳ., Олаф В., Кучкарова Л.С.

Ўзбекистон Миллий университети
100174, Ўзбекистон, Тошкент ш., Talabalar шаҳ., Университет -4 к.
info@nuu.uz
Ҳоҳенҳеим университети (Штутгарт, Германия)

Drosophila melanogaster радопсин гени мувофиақятли клонлангандан сўнг ишни *Anacanthotermes ahngerianus Jacobs термитлари* бош қисмидан РНК ни ажратиб олиш, РНК ни тозалаш, кДНК синтезлаш билан давом эттирдик. Полимер занжир реакцияларида (ПЦР) кДНК матрица вазифасини бажарди. Чунки, бугунги кунга қадар *Anacanthotermes ahngerianus Jacobs* термитларида родопсин занжири ноаниқлиги сабабли туғри келадиган праймерларни аниқлаш учун консерватив қисми праймерларини ишлатишга туғри келди. Тегишли праймерларни аниқлаш учун *Zootermopsis nevadensis* ва *Drosophila melanogaster* родопсин оқсили занжирини солиштирилиб учта консервативлиги юқори бўган қисмлари аниқланди. Кейин оқсил занжирлари мувофиқ келадиган ДНК нуклеотидлар кетма кетлиги яратилган праймерлар билан солиштирилди. *Zootermopsis* ва *Anacanthotermes* авлоди термитларининг нуклеотидлар кетма-кетлиги бир бирига яқинлигини тахмин қилиб, айнан ўзига хос бўлмаган (non-degenarate) праймерлар ишлатилди ва полимер занжир реакция маҳсулоти (580 base pairs) олинди. Полимер занжир

реакциялар маҳсулоти *vector* га клонланди (PCR2.1-TOPO (Invitrogen)) ва бактеряга ўрнатилди.

Яратилган клонлардан ДНК тайёрланди ва мазкур ДНК тахлил қилинди. Мувоффақиятли клон яратилгандан кейин геннинг қолган қисми нуклеотидлар кетма кетлиги ҳақида маълумот олиш учун RACE PCR ни амалга ошириш режалаштирилди.

Тадқиқот ишлари ERASMUS MUNDUS – CASIA лойиҳаси доирасида Hohenheim университети Biosensoric кафедрасида профессор Армин Ҳубер раҳбарлиги ва доктор Олаф Вулфстра кумаги билан янги замонавий методлар асосида амалга оширилди.

ИССЛЕДОВАНИЕ ПАРАМЕТРОВ ОКИСЛИТЕЛЬНОГО СТРЕССА НА ЭКСПЕРИМЕНТАЛЬНОЙ МОДЕЛИ БОЛЕЗНИ ПАРКИНСОНА.

Мустафакулов М.А., Зайнутдинов Б.Р., Ибрагимов З.З., Ишанходжаев Т.М., Саатов Т.С.

Институт биоорганической химии им. академика А.С. Садыкова АН РУз,
100125, г.Ташкент, ул М.Улугбека, 83,
e-mail:mmustafakulov@bk.ru

Работы последних лет показывают, что одной из причин возникновения нейродегенеративного состояния является оксидативный стресс, который может провоцировать дофаминергическую нейродегенерацию при возникновении болезни Паркинсона.

Цель работы - исследование отдельных параметров антиоксидантной системы организма на экспериментальной модели Паркинсона (ЭМП).

Модель ЭМП вызывали введением беспородным крысам самцам весом 250-300 г ротенона в дозе 3 мг/кг в течении 10 дней. Воспроизведение ЭМП контролировали исследованием поведенческих тестов: «Открытое поле», подсчет баллов по шкале «Stroke-index McGrow» и др. Выбор ротеноновой модели Паркинсона обусловлен тем, что ротенон действует на митохондриальную дыхательную цепь, провоцируя увеличение свободных радикалов и дофаминергическую нейродегенерацию, наиболее схожую по своим симптомам и признакам с таковыми у болезни Паркинсона.

Результаты исследования показали, что при воспроизведении ЭМП на фоне олигокинезии, неустойчивости походки и ригидности мышц, наблюдается увеличение содержания в крови ТБК окрашиваемых продуктов на 30% и снижение активности каталазы на 25%. Обнаружено также увеличение активности креатинкиназы в крови животных с ЭМП, которая как известно играет важную роль в поддержании энергетического гомеостаза в клетке.

Исследование ткани мозга животных с ЭМП показало следующее: содержание ТБК окрашиваемых продуктов увеличилось на 12,5%, при этом активность ферментов антиоксидантной системы, в частности, каталазы уменьшилось на 27%, супероксиддисмутазы на 8%, а активность глутатионредуктазы на 5 %.

Таким образом, результаты исследований подтверждают литературные данные и указывают на возможность терапии болезни Паркинсона с помощью антиоксидантов.

ПАРАМЕТРЫ ОКИСЛИТЕЛЬНОГО СТРЕССА ПРИ ЭКСПЕРИМЕНТАЛЬНОЙ МОДЕЛИ БОЛЕЗНИ АЛЬЦГЕЙМЕРА.

Мустафакулов М.А., Иргашева С., Ибрагимова Э.А., Ишанходжаев Т.М., Саатов Т.С.

Институт биоорганической химии им. академика А.С. Садыкова АН РУз,
100125 г.Ташкент ул М.Улугбек 83,
mmustafakulov@bk.ru

Многочисленные исследования нейродегенеративных состояний показывают, что одним из факторов вызывающих изменения в нервных клетках является оксидативный стресс, который приводит к агрегации амилоидных и синильных бляшек на мембранах клеток центральной нервной системы.

Целью работы было исследование отдельных параметров антиоксидантной системы организма на экспериментальной модели болезни Альцгеймера (ЭМА).

Модель ЭМА вызывали двукратным внутрибрюшинным введением алюминия хлорида в дозе 190 мг/кг массы тела беспородных белых крыс на 1 и 3 день эксперимента. Воспроизведение ЭМА контролировали исследованием поведенческих тестов, оценкой неврологического дефицита по шкалам«Stroke-index McGrow» ,Garsia, а также морфологическими исследованиями. О степени свободнорадикального окисления судили по образованию ТБК- окрашиваемых продуктов ,активности каталазы, СОД, глютатионредуктазы в гомогенатах мозга и крови экспериментальных животных.

Выбор алюминиевой модели Альцгеймера обусловлен тем, что хлористый алюминий, вызывает алюминиевый нейротоксикоз, который приводит к повреждению продуктами окислительного стресса нейрональных мембран гиппокампа, что позволяет использовать эту модель для изучения патогенеза заболевания и нейропротекторных препаратов.

Результаты исследования показали, что при воспроизведении ЭМА на фоне характерных признаков изменений в поведенческой активности животных и в морфологическом строении гиппокампа, наблюдается также увеличение содержания в крови ТБК окрашиваемых продуктов на 25% снижение активности каталазы на 21% и увеличение активности креатинкиназы .

При исследование ткани мозга животных с ЭМА наблюдается увеличение содержание ТБК окрашиваемых продуктов в полтора раза, при этом активность ферментов антиоксидантной системы: каталазы и глутатионредуктазы уменьшилось на 24%, а активность супероксиддисмутазы на 20%. Снижение активности каталазы способствует накоплению перекиси водорода в ткани мозга и активирует липопероксидацию.

Таким образом, при воспроизведении нейродегенеративных состояний (болезнь Альцгеймера) у животных наблюдается активация процессов свободнорадикального окисления .

BACILLUS SPP. ШТАММЛАРИНИНГ ҲАЙВОНЛАРДА ПАТОГЕН МИКРООРГАНИЗМЛАРГА ҚАРШИ АНТОГОНИСТИК ФАОЛЛИГИНИ ЎРГАНИШ

Набиходжаева М.,[1] Артикова Р.М., [1] Ибрагимова Н.М.[2]

[1]Тошкент кимё–технология институти
100011, Ўзбекистон, Тошкент, Навоий кўчаси 32-уй, tkti_info@edu.uz
[2]Ургенч Давлат университети

Спора ҳосил қилувчи *Bacillus* туркуми бактериялари биологик фаол моддалар, шу жумладан ферментлар, антибиотиклар маҳсулотлари продуцентлари ҳисобланади. *Bacillus* туркуми бактерияларининг маҳсулотлари биологик фаол моддалар граммусбат (*Clostridium* spp., *Corynebacterium* spp., *Staphylococcusaureus*) ва грамманфий (*Treponema-pallidum, Neisseriameningitis*) бактериялар, шунингдек фитопатоген замбуруғлар – *Rhizoctoniasolani, Botrytiscierea, Aspergillusniger*ларга нисбатан фунгицидлик фаоллик намоён қилади.

Шундай қилиб, *Bacillus* туркуми вакилларига бактерицидлик ва фунгицидлик фаолликга эга ва микробларга қарши препаратлар яратишда истиқболли биологик агент деб қараш мумкин.

B.subtilis бактерияларига асосланган пробиотиклар турли этиологиядаги инфекциялар терапеяси учун тиббиётда муваффақиятли қўлланилмоқда. Ветеринария тиббиётида таркибида *Bacillus* туркуми бактерияларини тутувчи препарат ва озиқавий қўшимчаларни чўчқачиликда, паррандачиликда, йирик шохли ҳайвонларни етиштиришда уларнинг вазнини ошиши ва озиқанинг сарфини камайтириш учун фойдаланилади.

B. subtilis бактериялари ошқозон ичак трактига тушганидан сўнг у 30 кун давомида яшайди, сўнгра табиий йўл билан чиқариб юборилади. Ошқозонда бактерияларнинг бу тури халок бўлмайди, чунки спора кўринишида улар ошқозон ширасининг таъсирига чидамлилик ҳосил қилади. Оғизда, ингичка ва йўғон ичакда улар вегетатив шаклга айланади, кўпаяди ва атроф мухитга биологик фаол моддаларини ажратади. Бу моддалар таъсирида патоген ва

шартли патоген микрофлоранинг ўсиши ва ривожланиши секинлашади, ошқозон ичак трактининг нормал микрофлорасини ташкил қилувчи ҳамда унинг оптимал даражада функцияланишини амалга оширувчи лакто- ва бифидобактериялар, ичак таёқчаси ва бошқа микроорганизмлар сони тикланади

Патоген микрофлораларнинг антогонисти *Bacillus* spp. бактериялари штаммлари Тошкент вилояти Қибрай туманида тупроғидан ажратилди.

Bacillus spp. штаммларининг антогонистик фаоллигини гўшт-пептонли агарли озиқа мухити солинган Петри ликобчаларида перпендикуляр штрих усули ёрдамида экиш орқали патогеннинг ўсиши батамом тўхтатилган зоналардаги мм ларда аниқланди. Бунинг учун тадқиқ этилаётган антогонист бактерия штаммлари озиқа мухитили Петри ликобчаси юзасига ликобча диаметри бўйлаб штрих кўринишида экилди ва термостатда 37ºС хароратда 48 соат давомида инкубация қилинди. Инкубация даври тугагандан сўнг антогонист штаммнинг штрихлари устига перпендикуляр равишда патогенларнинг тест культураси экилди. Сўнгра термостатга жойлаштирилиб яна ўша хароратда 20 соат давомида инкубация қилинди.

Агар тадқиқ этилаётган антогонист штамм ўрганилаётган патогенларга нисбатан антимикроб таъсирга эга бўлса, у ҳолда патоген микроорганизмлар унинг штрихидан масофада ўсди, бу эса антогонистик фаоллигининг миқдорий ўлчовидир.

Шундай қилиб, олиб борилган илмий тадқиқот ишларининг натижасига кўра *Bacillus* spp. штаммларининг антогонистик потенциали аниқланди. Ўрганилган *Bacillus* штаммлар *in vitro* шароитида тоза патоген бактерияларга нисбатан ўзининг бактерицдлик ва фунгистатик таъсирини намоён қилди. Антогонист штаммларнинг қишлоқ хўжалик ҳайвонларида касалликлар чақирувчи патогенлар ўсишини чеклаши аниқланди. Бунда микроб тест-объектларнинг ўсишда тўхтаган зоналарини энига боғлиқ ҳолда юқори (11дан 30ммгача), ўрта (4-10мм) ва паст (4 ммгача) антогонистик фаоллигини аниқлаш ўлчови бўлиб хизмат қилди.

ПОЛУЧЕНИЕ СУСПЕНЗИОННЫХ КАЛЛУСНЫХ КУЛЬТУР *(SILYBUM MARIANUM L.)*

Назиров М.М, Убайдуллаева Х.А.

Центр Геномики и биоинформатики АН РУз
111215, Ташкентская область, Кибрайский район, ул. Университетская, д. 2
nazirov.muhammad.l@gmail.com

Лекарственное растение Расторопша пятнистая *(Silybum marianum L.)* является природным источником ценных вторичных метаболитов, обладающих широким спектром биологического действия. В настоящее время они широко применяют как в медицине, так и во многих отраслях пищевой и парфюмерно-косметической ценности. Альтернативными источниками получения биологически ценных веществ растительного происхождения могут стать культуры клеток и тканей растений *in vitro.* Биотехнологические подходы позволяют получать продукт независимо от внешних климатических, почвенных условий, круглогодично и сохраняя при этом естественные ареалы ценных лекарственных растений [1].

Цель нашего исследования состояла в получении суспензионной культуры S.marianum и анализе ее ростовых характеристик. В литературе [2] суспензионную культуру расторопши пятнистой красноцветкового сорта Золушка и белоцветкового сортообразца Sibilla получали из кусочков рыхлого корневого и стеблевого каллуса. 3 пассажа расторопши (массой не более 1,5 г) далее помещали в круглодонные колбы объемом 100 мл, содержащие жидкую среду Мурасиге-Скуга, дополненную гормонами 2 мг/л бензиламинопурина и 1 мг/л нафтилуксусной кислоты. Колбы ставили в люминостат при 24-25°С на круговой качалке (100-120 об/мин). Спустя 16 дней культуру ресуспендировали и удаляли крупные кусочки исходного каллуса и агрегаты клеток (фильтрованием). Пассирование проводили с интервалом 16-18 дней на свежую питательную среду.

Анализ ростовых характеристик культур клеток S.marianum определяли по общепринятым методикам. Большое значение этого растения и,

следовательно, его активных ингредиентов можно легко узнать из перечня заболеваний, в которых используется растение, таких как заболевание анорексии, онкологическое заболевание, снижение численности при катаре и плеврите, диабет, связанные с эстрогеном заболевания, геморрой, гидрофилы, малярией и болезнью селезенки. В настоящее время показано, что ряд химических соединений растения оказывает защитное действие на клетки печени. Наиболее распространенными коммерческими лекарствами, используемыми в настоящее время для лечения заболеваний печени, являются Legalon-70 и Dura-silymarin. Оба из них, содержащие силимарин (извлеченные из семян растений S.marianum), являются дорогостоящими и импортными лекарствами.

Исходя из этих данных в Центре Геномики и биоинформатики совместно с Ташкентским фармацевтическим институтом мы начали изучать суспензионную культуру S.marianum. На *данный момент* мы получили каллусную ткань культуры и теперь продолжим их выращивать на жидкий средах, что бы получить нужную лекарственную биомассу.

Литература

1. Pradhan SC[1], Girish C. Hepatoprotective herbal drug, silymarin from experimental pharmacology to clinical medicine.// The Indian journal of medical research - 2006 .- №.124(5): 491-504.
2. Ковзунова О.В., Пушкина Н.В., Азизбекян С.Г. In vitro культуры Silybum marianum (L.) как потенциальный источник целевых БАВ. / // Вопросы биологической, медицинской и фармацевтической химии. – 2017. – №. 7. – Т. 20 – С. 3 – 6.

ФУНГИЦИДНЫЕ СВОЙСТВА ЛОВАСТАТИН-СОДЕРЖАЩЕГО ЭКСТРАКТА МУТАНТНОГО ШТАММА *ASPERGILLUS TERREUS- UV5g*

Насметова С.М., Саттарова Г.Б.

Институт микробиологии АНРУз 100128, Ташкент, А.Кадырий-7Б.
saodatnasmetova@mail.ru

Известно, что одним из безопасных методом защиты растений от фитопатогенных организмов является использование веществ биологического

происхождения. Статины - ловастатин, правастатин, симвастатин и их полусинтетические аналоги являются биологически активными соединениями, вторичными метаболитами микробного происхождения. В результате действия статины блокируют связывание фермента 3-гидрокси-3-метилглутарил-КоА-редуктазы (ГМГ-КоА-редуктаза), катализирующей превращение в мевалоновую кислоту - предшественика стеринов, являющихся важнейшими компонентами клеток эукариотных и прокариотных организмов.

Ранее нами в результате УФ-облучения местного штамма *A. terreus-20* получен высокоактивный мутантный штамм *Aspergillus terreus-UV5g*, продуцирующий значительное количество ловастатина - 4,35 мг/г с.с. в условиях твердофазной ферментации на овсе.

Целью данной работы стало исследование антифунгальной активности ловастатин-содержащего экстракта *A.terreus-UV5g* на некоторые фитопатогенные грибы для дальнейшего возможного применения его в качестве средства защиты от болезней растений.

Фунгицидные свойства экстракта оценивали *in vitro* в отношении фитопатогенных грибов *Alternaria alternate, Verticillium dahliae, Fusarium oxysporum, Fusarium solani, Rhizoctonia solani.* Определение антифунгальной активности препарата по отношению к фитопатогенам проводили в чашках Петри методом диффузии в агар. Ловастататин экстрагировали из ферментационного субстрата этилацетатом в соотношении 1:5 (m/v). Очищенные эстракты, содержащие ловастатин, наносили на диски в объеме 100 мкл, 60 мкл и 20 мкл. В качестве контроля на диски наносили 100 мкл раствора фармацевтического препарата ловастатина (Gedeon Richter) концентрацией 1,0 мг/мл.

Установлено, что контрольный препарат ловастатина и экстракт и в трех объемах подавляют рост только 2-х из 5-ти исследованных фитопатогенов – *V.dahliae* и *A.alternate*. Экспериментально показано, что культура *A.alternate* более чувствительна к действию экстракта. При этом наибольшая зона ингибирования роста *A.alternate* наблюдается при нанесении 100 мкл

экстракта и составляет 30±0,2 мм в диаметре, а зона подавления роста *V. dahliae* составляет 26±0,3 мм.

Полученные результаты исследований подтверждаются литературными данными о фунгитоксичности ловастатина и свидетельствуют о высокой фунгицидной активности ловастатин-содержащего экстракта мутантного штамма *A.terreus- UV5g*.

Таким образом, полученные нами экстракты мутантного штамма могут быть использованы для получения фунгицидных препаратов, применяемых в сельском хозяйстве для защиты растений от болезней, вызванных грибами *V. dahliae* и *A.alternate*.

СУТ МАХСУЛОТЛАРИ ТАРКИБИДАГИ БИФИДОБАКТЕРИЯЛАРНИ ХУСУСИЯТЛАРИНИ ЎРГАНИШ

Ниёзов Хасан Н., Абдурахмонов А.Ф., Ниёзов Хусан Н.

Тошкент кимё-технология институти
100011 Тошкент Навоий кўчаси 32
xasan.niyozov.90@bkr.ru

Бифидобактериялар анаэроб микроарганизмлардир. Бугунги кунда 32 турдаги бифидобактериялар мавжуд. Катта ичакдаги барча микроорганизмларнинг катта қисмини, катта ёшдагилар ва болалар ташкил этади. Ушбу фойдали микроорганизмларнинг вазифаси химоя қилиш, тозалаш ва керакли, фойдали моддаларни синтез қилишидир.

Бифидобастериум - бу сут кислотали бактерия хисобланиб ёш болаларнинг айниқса эмадиган болаларнинг ичагида кўп миқдорда бўлади, чунки улар Н-ацетилглюкозамин тутувчи углеводлар тутувчи мухитда ўсади, бу углеводлар эса фақат она сутида мавжуд. Улар яна катта одамларнинг ичагида ва чириётган балчиқда ҳам аниқланган. сут кислотали бактерияларнинг микроорганизмларнинг алоҳида гурухига бирлаштирувчи асосий хусусияти бу бижғишдаги асойси махсулот сут кислотани ҳосил қилишидир.

Сут кислотали бактериялар табиатда кенг тарқалган бўлиб, сут ва нордон сут махсулотлари ишлаб чиқариш билан боғлиқ бўлган биотехнологик

жараёнларда фойдаланилади. Бу бактерияларнинг озиқланадиган мухити, сут махсулотлари, ўсимликларнинг юза қисми, ризосфераси ва илдиз олди қисми ҳисобланади. Сут кислотали бактериялар ўсимликлар билан бирга инсонлар ва хайвонларнинг ошқозон ичак трактига тушиб, унинг микрофлорасини ташкил этади. Сут кислотали бижғишни морфологияси бўйича гетероген бўлган *Ластобасиллус*, *Леусоностос*, *Бифидобастериум*, *Педиососсус*, *Стрептососсус*, *Ластососсус* бактериал организмлар амалга оширади. Сут кислотали бактериялар гексоза (глюкоза, фруктоза, манноза, галактоза), дисахаридлар (лактоза, мальтоза, сахароза) ва полисахарид (декстрин, крахмал)ларни бижғитиш махсулотлари характери бўйича гомоферментативным ва гетероферментативларга киради. Сут кислотали бактериялар асосан олтиуглеродли қандлар тутувчи озиқа мухитларда культураланади, аммо баъзилари бешуглеродли қандалар, қандспиртлар, органик кислоталар ва полисахаридларни ҳам бижғитиши мумкин.

Сут кислотали бактерияларнинг фарқ қилувчи белгилари мураккаб озиқа мухитларга маълум аминокислоталарга, В гурух витаминлар бўлган талабидир. Бу гурух бактериялар учун мухим энергия манбаи бўлиб, моно- ва дисахаридлар –глюкоза, лактоза, сахароза, мальтозалар хизмат қилади. Конструктив алмашинишда энергия манбаи сифатида шунингдек органик кислоталар: лимон, олма, пировиноград, фумар кислоталари сарфланади. Турли қандларнинг ва органик кислоталарнинг кўпинча рибоза, цитрат ёки ацетатларни бижғитиш хусусияти сут кислотали бактерияларни аниқлашда фарқловчи тестда асос қилиб олинади.

Уларнинг кок (шар) шаклидагилари нетрал ва ишқорий мухитда ривожланиши мумкин, таёқчасимон шаклдагилари эса pH6,0, бифидобактериялар эса pH 8,2 юқори бўлганда яшаш қобилиятини йўқотади. Барча сут кислотали бактерияларнинг ўсиши углеводларнинг бижғиш жараёнида мухитдаги pH 5,0 ва ундан пастроқга тушгунига қадар давом этади. Сут кислоталар гомоферментатив лактококларнинг хаёт фаолияти натижасида 1% гача, *Ластобасиллус булгарисус*ларда *эса* – 3,5 % гача сут кислота

йиғилади. Сут кислотали бактериялар озиқ-овқат саноатининг сут-қатиқ махсулотлари ишлаб чиқаришда кенг қўлланилади. Гомо- ва гетероферментатив сут кислотли бактериялар нон ишлаб чиқаришда аввалдан ишлатилиб келади. Уларнинг ачитқи замбуруғлари билан ассосацияси (закваска) махсулотларга хушбўйлик, таъм, ғоваклик, ранг беришда ишлатилади.

Сут маҳсулотлари ва пишлоқ ишлаб чиқаришда сут кислотаси бактериялар учун асосий озуқа манбаи сифатида сут таркибидаги шакар ёки лактоза хизмат қилади. Сутда лактоза эриган ҳолатда бўлади. Сут кислотаси бактериялари сут шакарини сут кислотаси ҳосил бўлгунга қадар бижғитадилар. Шу сабабдан ачитқили сут маҳсулотлари ва пишлоқ сифати бевосита бу маҳсулотдаги ачитқи культурасининг фаол ва тўлиқ фаолиятига боғлиқ.

Бифидобактериялар инсон организмида туғилгандан сўнг дархол пайдо бўлади, улар сафро мухитига кучлироқ қарши тура оладилар ва организмда ферментлар ишлаб чиқариш фаолиятини нарманлаштиришга ёрдам беради. Улар нафақат танани химоя қилиш балки зарарли микроорганизмлар келтирадиган спора қолдиқларини ривожланишини тўхтатади. Бифидобактериялар аллергия хавфини камайтиради, ичак микрофлорасини тиклайди, дисбиоз хавфи учун яхши профилактик восита бўлиб, холетиринни камайтиради.Бу микроорганизмлар танага кирган озиқ-овқат махсулотлари билан бирга захарли таксин моддаларни чиқариб ташлашга, оғирликни камайтириши, жигар ва буйрак фаолиятини тиклаш, саратон хавфини камайтириши мумкин.

Фойдаланилган адабиётлар:

1) Г.В. Твердохлеб и др."Технология молоко и молочный продуктов" Москва ВО "Агропромиздат" 1991 г.
2) Н.Е.Панфилова "Сут ва саломатлик" Тошкент "Мехнат" 1991 й.

САНОАТ МИКРОБИОЛОГИЯ АСОСИДА БИОПРЕПАРАТЛАР ИШЛАБ ЧИҚАРИШ УЧУН МАЙОРАН ЎСИМЛИГИНИ ХУСУСИЯТЛАРИНИ ЎРГАНИШ

Ниёзов Х.Н., Қурбонова Х.Н.,Саидаминов Б.Т.

Тошкент кимё-технология институти
100011 Тошкент Навоий кўчаси 32
xasan.niyozov.90@bkr.ru

Сўнгги йилларда иқлимнинг ўзгариб туриши сабабли кўпгина ўсимлик турларининг ривожланишига ўз таъсирини кўрсатмоқда. Ўзгарган шароитларга мослаша олмаган турлар муҳитнинг салбий таъсиридан табиий хусусиятлари қисқариб бормоқда. Табиатда учрайдиган кўплаб ўсимликларни биологик хамда биотехнологик , ген мухандислиги йўллари орқали йенги озиқабоп, кўплаб микронутриентларга, оқсилга, углевотларга ва доривор хусусиятларга бой.Ўсимлик турларини янги иқлим шароитида экиб ўстириш, йетилган ўсимликларни озиқ-овқат махсулотлари ишлаб чиқаришда қўллаш ва минтақамизда доривор ўсимликлар заҳирасини бойитиш ва сақлаб қолиш мақсадида янги истиқболли ўсимлик турларини тўғри танлаб олиш ва ўрганиш лозим. Шу боис доривор ўсимликларни маданий ҳолда кўпайтириш, морфологик ва биоэкологик хусусиятларини, интродукция қилиш мухим аҳамиятга эгадир. Шундай интродуцентлар қаторига кирувчи майоран ўсимлиги халқ табобатида қадимдан маълум. Мазкур ўсимликдан микробиологик саноатида бактерияларга озуқа емларини тайёрлашда қўллашимиз, ундан ташқари бу ўсимликдан тайѐрланган дамламалар ошқозон ширасининг ўт суюқлигини ажралишига таъсир кўрсатади. Тошкент шароитида илк бора майоран ўсимлигини онтогенезини ген мухандислиги асосида ва биоморфологик хусусиятлари ўрганиб чиқилди. Ўсимликнинг ўсиши ва ривожланиши маълум классик усуллар бўйича кўриб чиқилди. Натижалар: иқлимлаштирилаѐтган турларнинг янги шароитга мослашиш хусусиятлари ўсимлик онтогенезининг дастлабки даврларидаёқ намоён бўлади. Ўсимликнинг онтогенезини ўрганиш назарий ва амалий аҳамиятга эга. Ҳар қандай ўсимлик онтогенезида қатор морфологик, анатомик, физиологик

ва биокимёвий ўзгаришларга учрайди.Майоран ўсимлиги биологик ва морфологик жихатлари тавсифланган. Майоран ўсимлиги уруғлари асосан палла баргли, шакли юмалоқ-бироз уйиқли. Уруғ палла бандлари қисқа 0.2-0,4 мм ни ташкил этганлиги кузатилди. Ички қатлами оч яшил рангли, устки куртаги хали яхши тараққий этмаган. Асосий илдизи 5 мм ли бўлиб, майсанинг умумий узунлиги 9мм ни ташкил этади. 10-15 кун ичида уруғ палла бандлари узайган бўлиб, 2-3 мм ли, гипокотили 0,6 см ни ташкил этди, микроскоп остида кўрилганда ўсимликнинг майса даврдаёқ тукчалар мавжудлиги аниқланди. Тукчалари икки хил бири ўткир учли, иккинчи хили эса сурғичсимон, кўп ҳужайрали. Майсанинг асосий илдизи 1-1,5 см, биринчи тартибли ён илдизлари шаклланиб 0,1-0,5 мм ли. Ўсиликнинг умумий узунлиги 0,8 см. 11 январ куни дастлабки чин барглари ҳосил бўлганлиги кузатилди. Барг пластинкаси ва банди сер тукли. Барг пластинкасининг шакли юраксимон, эни 0,3 мм, узунлиги 0,6 мм ни ташкил этган. ўсимликнинг умумий узунлиги 1 см ни ташкил этиб, уруғ палла барг пластинкасининг эни ва узунлиги 0,4-0,5 мм, банди 0,4 мм. Чин барглар сони 3 та бўлиб, барг пластинкасининг эни 0,5мм, узунлиги 0,6 мм. Асосий илдиз узунлиги 4 см га етган. Иккинчи ва учинчи тартибдаги ён илдизлар шаклланган ҳарорат +18 с ўсимликнинг умумий узунлиги 2,1 см уруғ палла барг пластинкасининг эни ва узунлиги 0,6-0,7 мм, банди 0,5 мм. Чин барглар сони 6та бўлиб, барг пластинкасининг эни ва узунлиги 1,5-1,6мм, бандининг узунлиги 1,5 см ни ташкил этди. Ўсиликнинг умумий узунлиги 15-19,5 см ни ташкил этди. Ўсимлик ювенил даврдан имматур даврига ўтганлиги кузатилди. Пояларнинг учки қисмларида сохта бошоқсимон тўпгулли бўлиб, тупгулларнинг узунлиги 4,5-6,5 см ни ташкил этди.

Майоран ўсимлиги таркибида малум миқдорда ёғ борлиги аниқланган жумладан 65-70% оқсил, углеводлар 15-16,5%, минерал моддалар 5,5-6,7%, қуруқ модда миқдори 11-12,5 %, ва бошқа моддалар мавжуд.

Фойдаланилган адабиётлар:

Губанов И.А., Киселѐва К.В., Новиков В.С., Тихомиров В.Н. Иллюстрированный определитель растений Средней России.

РНК-ИНТЕРФЕРЕНЦИЯ В СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННЫХ КУЛЬТУРАХ

Никитина Е.В.[1], Имамходжаева А.С.[2]

[1]Институт «Ботаника» АНРУз,
111000, Ташкент, ул. Дурмон йули, 32
[2]Центр геномики и биоинформатики АНРУз,
111215, Ташкентская обл., ул. Университетская, 2
aimamkhodjaeva@genomics.uz

В настоящее время уже полностью или частично расшифрованы геномы многих видов растений. Так, известны 25 тысяч генов геномов арабидопсиса, кодирующих белки, 50 тысяч генов генома риса. Среди современных технологий метод РНК интерференции (RNAi) является мощным инструментом в создании растений - продуцентов новых ценных метаболитов и промышленного сырья. Метод РНК интерференции активно применяется для улучшения вкусовых качеств таких культур как батат, картофель, томат, кукуруза и другие. Например, созданы клубни без амилозы и, наоборот, с высоким содержанием амилозы [1]. Также, с применением РНК-интерференции получены плоды томата с повышенным содержанием каротиноидов и флавоноидов [2]. При помощи технологии РНК-интерференции были получены плоды и ягоды, не содержащие семена.

С помощью этой же технологии было получено более качественное хлопковое масло, добившись улучшения пищевых качеств. При этом, удалось изменить состав жирных кислот - повысить содержание стеариновой и олеиновой кислот [3]. Посредством РНК интерференции также удалось модифицировать накопление масла с помощью снижения регуляции фосфоенолпируваткарбоксилазы 1 (GhPEPC1) в модифицированных растениях хлопчатника. Так, хлопковое масло обработанное путем частичного гидрирования, в процессе которого полиненасыщенная линолевая кислота превращается в более стабильные мононенасыщенные-олеиновую и насыщенные -стеариновую жирные кислоты. В результате частичного гидрирования происходят структурные изменения в долях жирных кислот, в

том числе смещения двойной связи, что приводит к образованию транс-жирных кислот (TFA), которые представляют собой изомеры, встречающихся в природе ненасыщенных жирных кислот. Большинство трансизомеров жирных кислот, образующихся в жирах в процессе гидрогенизации, дезодорации, отбеливания и воздействия высоких температур, в природе встречаются лишь в следовых количествах.

Таким образом, учеными выведены сорта хлопка, семена которого могут быть использованы в питании, потому что в них методом РНК-интерференции нарушено производство токсина госсипола [4], и получено масло с улучшенными пищевыми качествами - с повышенным содержанием стеариновой и олеиновой кислот [3].

Использованная литература

1. Kitahara K., Hamasuna K., Nozuma K., Otani M., Hamada T., Shimada T., Fujita K., Suganuma T. Physicochemical properties of amylose-free and high-amylose starches from transgenic sweetpotatoes modified by RNA interference.// Carbohydrate Polymers. 2007. V. 69. P. 233–240.
2. Davuluri G.R., van Tuinen A., Mustilli A.C., Manfredonia A., Newman R., Burgess D., Brummell D.A., King S.R., Palys J., Uhlig J., Pennings H.M., Bowler C. Manipulation of DET1 expression in tomato results in photomorphogenic phenotypes caused by post-transcriptional gene silencing.// Plant J. 2004. V. 40. P. 344–354.
3. Liu Q., Singh S.P., Green A.G. High-Stearic and High-Oleic Cottonseed Oils Produced by Hairpin RNA-Mediated Post-Transcriptional Gene Silencing// Plant Physiol. 2002. V. 129. P. 1732–1743.
4. Sunilkumar, G., Campbell, L. M., Puckhaber, L., Rathore K. S. «Engineering cottonseed for use in human nutrition by tissue-specific reduction of toxic gossypol». Proceedings of the National Academy of Sciences, USA, 2006, 103: 18054-18059.

БУҒДОЙДА КЎП ОТА-ОНА НАМУНАЛАРИ АСОСИДА ХАРИТАЛАШ ПОПУЛЯЦИЯСИНИ ЯТАРИШ СТРАТЕГИЯСИ

[1]Норбеков Ж.Қ., [1]Тураев О.С., [1]Хусенов Н.Н., [1]Дарманов М.М., [1]Аллаяров Х.Н., [1]Қўйсинова Ю.М., [2]Дилмуродов Ш., [1]Кушанов Ф.Н.,

[1]ЎзР ФА Геномика ва биоинформатика маркази
111215, Ўзбекистон Республикаси, Тошкент вил., Қибрай тум., Университет кўч., 2-уй,
[2]Дон ва дуккакли экинлар илмий тадқиқот институти Қашқадарё филиали. Қашқадарё вилояти, Қарши шахри, Бешкент йўли 3-км.
dj.norbekov@genomics.uz

Қишлоқ хўжалик экин майдонларининг қисқариши ва сув танқислиги каби муаммолар, кўпгина қишлоқ хўжалик экинлари, хусусан буғдойнинг ҳосилдорлиги юқори, қурғоқчиликка, шўрга ва турли касалликларга бардошли бўлган навларни яратишга туртки бўлмоқда.

Буғдойнинг яхши ўсиб ривожланишига салбий таъсир этувчи биотик ва абиотик стрессларнинг давомийлигини ҳисобга олган холда, бу борада селекционер ҳамда молекуляар тадқиқотчи олимлар тинимсиз изланишлар олиб боришмоқда. Бугунги кунга келиб, буғдойда турли касаллик, зараркунанда ва ташқи омил стрессларига чидамлиликни таъминловчи ген/QTLларни аниқлаш ва уларни мақсадли бошқаришнинг кўплаб самарали усуллари ишлаб чиқилган.

Буғдой ўсимлигида хариталаш ишларининг аксарияти икки ота-она популяциясида амалга оширилади. Олимлар томонидан қимматли хўжалик белгиларига эга икки намунани ўзаро дурагайлаш орқали рекомбинант инбред линиялар (РИЛ) яратиш орқали ёки дабл гаплоидлар (геноми икки хисса оширилган)дан фойдаланиб хариталаш ишлари амалга оширилган. Ҳосилдорлик, қурғоқчилик ва шўрга чидамлилик каби бир қанча қимматли хўжалик белгиларини хариталашда кўп ота-она намуналари асосида яратилган популяциялардан фойдаланиш, QTLларни юқори аниқликда идентификация қилишни таъминлайди. Шу сабабли, буғдойда кўп ота-онали интер-кросс авлодларни (*ингл*. Multi-parent advanced generation inter-cross - MAGIC) ривожлантириш тадқиқотчиларга мураккаб белгиларни хариталашда кенг имкониятларни тақдим этади. Ушбу популяция бир қанча намуналардаги

қимматли хўжалик белгиларни бир генотиплга жамлаш ва ушбу генотипни ривожлвнтириш орқари яратилади.

Биз, Дон ва дуккакли экинлар илмий тадқиқот институти Қашқадарё филиали олимлари билан ҳамкорликда турли хил қимматли хўжалик белгиларига эга буғдойнинг Жайхун, Омад, Бардош, Шамс, Бунёдкор, Шукрона, Ғозғон, Кеш 2016, Чиллаки, Заррин Мехико, KR16-19IWWYT, KR-100-14, KR-100-13, KR-100-12, Марокко, YR-10 нав ва нав намуналарини ўзаро дурагайлаш ишларини амалга оширдик. Ҳозирда, барча тадқиқот намуналаридан молекуляр тадқиқотлар учун барг тўқимаси йиғиб олиниб, Марказда улардан геном ДНК ажратиш ва ПЗР скринг ишлари олиб борилмоқда.

Ушбу тақиқотдан кўзланган асосий мақсад, буғдойда кўп ота-онали интер-кросс авлодларни ривожлантириш орқали улардаги қимматли хўжалик белгиларини бошқарувчи ген/QTLларни аниқлашдан иборат. Шунингдек, яратиладиган популяция ичидан ота-она намуналаридаги турли қимматли хўжалик белгиларни ўзида намоён этган генотипларни ажратиб олиш мақсад қилинган.

УАК ПОПУЛЯЦИЯСИ ОТА-ОНА НАМУНАЛАРИНИ ШЎРГА ЧИДАМЛИЛИК ДНК-МАРКЕРЛАРИ ЁРДАМИДА ТАҲЛИЛ ҚИЛИШ

Нормаматов И.С., Тураев О.С., Хусенов Н.Н., Норбеков Ж.Қ.,
Бойқобилов У.А., Аллаяров Х.Н., Кушанов Ф.Н.

ЎзР ФА Геномика ва биоинформатика маркази
111215, Ўзбекистон Республикаси, Тошкент вил., Қибрай тум., Университет к. 2-уй
ilyosnormamatov@mail.ru

Тупроқ шўрланиши инсоният тарихи давомида қишлоқ хўжалигининг энг асосий, глобал муаммоларидан бири бўлиб келмоқда. Сўнгги пайтларда ердан фойдаланишнинг глобал миқёсда жадаллашуви сабабли шўрланиш янада кенг тарқалмоқда. Ғўза бутун дунёда даромадли экин сифатида экиб келинади. Гарчи, у мелеоратив холати оғир, шўрланган тупроқларда ўса олувчи етакчи экинлардан бири сифатида таснифлансада, тупроқдаги

шўрланиш миқдори унинг ўсиши, ҳосили ва толасининг сифатига салбий таъсир кўрсатади.

Шу каби муаммоларни бартараф этиш мақсадида дунё олимлари томонидан қўплаб молекуляр генетик, физиологик ҳамда селекцион тадқиқотлар олиб борилган.

Шўрга чидамлилик билан бириккан маркерларни идентификация қилиш ҳамда молекуляр ва анъанавий селекцияни мужассамлаштириш, ғўзада шўрга чидамлилик селекциясининг самарадорлигини кескин ошириши мумкин.

Марказида яратилган уяли ассоциатив карталаштириш (УАК) популациясининг ота-она намуналаридаги шўрга чидамлилик QTL-локусларини аниқлаш мақсадида Сирдарё вилоятининг табиий шўрланган муҳитларида экилиб, уларнинг шўрланиш даражалари фенотипик баҳоланиб борилди. Шу билан бирга, дунё олимлари томонидан ғўзада шўрга чидамлилик билан ассоциация бўлган 200 га яқин SSR-маркерлар билан ПЗР таҳлиллари амалга оширилди. Тадқиқот натижасида шўрга чидамлилик билан ассоцация бўлган SSR-маркерлардан 53 таси УАК-популациясининг ота-она генотипларида ўзаро полиморфизмни намоёт этди.

ГЕНЛАРНИ ПИРАМИДАЛАШДА ЗАМОНАВИЙ БИОТЕХНОЛОГИК ВА АНАНАВИЙ СЕЛЕКЦИЯ УСУЛЛАРИНИНГ РОЛИ

Норов Т.М., Аюбов М.С., Маткаримов М.У., Абдукаримов Ш.С., Махкамова А.Ш., Эркаева О.Б., Бўриев З.Т., Абдурахмонов И.Ю.

ЎзР ФА Геномика ва биоинформатика маркази
111215, Ўзбекистон Республикаси, Тошкент вил., Қибрай тум., Университет к. 2-уй
tokhirnorov87@gmail.com

Ген-нокаут технологияси асримизнинг буюк кашфиётларидан бири ҳисобланади. Бугунги кунда, ушбу технология дунё олимлари томонидан ўсимлик ва ҳайвонлар генларининг функциясини аниқлашда кенг фойдаланиб келмоқдалар. Бу борада Ўзбекистонда ҳам самарали ютуқларга эришилмоқда. Хусусан, Марказ олимлари томонидан ғўза ўсимлигидаги *PHYA1* генини нокаут қилиш натижасида тола сифати юқори, эртапишар ва ҳосилдор бўлган

янги биотехнологик навлар яратилган. Биз, ўз тадқиқотларимизда бир неча белгиларни бошқарувчи генларни битта вектор орқали ҳамда ушбу белгиларни ананавий селекция усуллари билан бир генотипга жамлаш орқали ушбу технологияни такомиллаштиришни шу йўл билан ўсимликнинг ташқи муҳит омилларига ва турли касалликларга нисбатан чидамлилигини оширишни мақсад қилдик.

Ўсимликнинг ёруғликни сезувчи фоторецептор генларидан бири фитохром А (*PHYA*) гени, ўсимликларнинг қурғоқчилик, шўрхоқлик ва совуққа чидамлилигини таьминлашда иштирок этувчи *Eskimo1* ва ўсимликларда касаллик қўзғатувчи фитопатогенларни иккиламчи метоболитларини синтезловчи *FoSTUA* генлари амплификация қилиниб TOPO-TA векторига трансформация қилинди. Киритилган ген фрагментлари $EcoR_1$ ферменти билан кесилди. Бир неча босқичли реакциялардан сўнг ушбу генлар T_4 ДНК лигаза ферменти ёрдамида бир бирига уланди. Бир бирига уланган генлар ($PhyA_1$+Esk+FoSTUA) TOPO-TA векторига қайта трансформация қилиниб, pDONR вектори ёрдамида pHellsGate-8 векторига киритилди. Ушбу кўп генли вектор “кассетани” текшириш мақсадида турли сифат реакциялари қўйилди. Ушбу конструкцияни BioEdit компютер дастурида таҳлил қилинганда ушбу конструкция орқали нишон қилинган генларни “ўчириш” эҳтимоли юқори эканлигини кўрсатди. Ҳозирда ушбу ген кассеталарини ғўза ўсимлигига трансформация қилиш ишлари амалга оширилмоқда.

Бундан ташқари марказда $PhyA_1$, Esk ва FoSTUA генлари нокаут қилинган линиялар олинган бўлиб ушбу линиялардаги қимматли хўжалик белгиларини бир генотипга жамлашни мақсад қилдик ва ушбу линиялар фитатрон шароитида экилди ва ўсимликлар гуллаш даврида бир-бири билан ўзаро чатиштирилди. Чаноқлар пишганда уларни алоҳида идишларда йиғиб олинди ва марказ тажриба майдонида экилди. Униб чиқган гибрид ўсимликлар геномида юқоридаги ген конструкцияларини тутган ўсимликларни генотиплаш мақсадида улардан геном ДНК лар ажратилди ва полимераза

занжир реакция (ПЗР) усулида ўзида $PhyA_1$-Esk, $PhyA_1$-FoSTUA, Esk-FoSTUA генлари конструкцияси мавжуд генотиплар танлаб олинди. Келгусида, уларни ўзаро дурагайлаб барча ген кострукцияларини битта генотипга жамлаш кузда тутилган.

Ҳозирда, ушбу мутант ва дурагай ўсимликларнинг турли абиотик стресслар ва касалликларга чидамлилигини ўрганиш мақсадида турли лаборатория синовлари амалга оширилмоқда.

Хулоса қилиб айтганда RNK интерференцияси технологияси ёрдамида битта ўсимликда икки ва ундан ортиқ салбий хусусиятларни бошқарувчи генларни ген-нокаут йўли билан ўчириш ёки фойдали генлар фаолиятини оверэкспрессия усулида ошириш орқали янги биотехнологик навлар ва селекция учун қимматли бошланғич линиялар яратилади.

ОПТИМИЗАЦИЯ МЕТОДА ВЫДЕЛЕНИЕ ДНК ИЗ ЛИСТЬЕВ ВИНОГРАДА

Нуриддинов А.Ш., Бикметова Д.И, Пратов Ф.Ф., Салухутдинов И.Б.

Центр геномики и биоинформатики АН РУз
111215, Ташкентская обл., Кибрайский район, ул. Университетская, д. 2
akbarnuriddinov@genomics.uz

Виноград является многолетней вегетативно размножаемой культурой и одним из наиболее возделываемых растений в мире. Эта культура выделяется большим генетическим разнообразием.

Выделение ДНК из растений рода Vitis вызывает ряд трудностей, присутствие повышенного содержания полисахаридов и полифенолов, которые ингибирует лизис и ухудшают качество ДНК, а также становится не стабильной для длительного хранения. В ходе исследований геномная ДНК была выделена модифицированным методом СТАБ. В жидком азоте примерно 2 $см^2$ листьев положили в ступку быстро в течении 30 сек измельчили. К размолотому в жидком азоте растительному материалу добавить 1000 мкл СТАВ 2%-буфера (100mM Трис. pH-8.0, 20mM ЭDTA pH8.0, 1.4M NaCl ,2% СТАБ) и инкубировали при +65 ºС 30 минут на водяной бане, перемешивая

каждые 5 мин. После инкубации добавляли равный объем смеси хлороформ: изоамиловый спирт (24:1) при этом тщательно перемешивали 5 минуты. Центрифугировали 8 минут при 9 000 об.мин. и осторожно отбирали 800 мкл супернатанта в новую пробирку. Добавили 0,1 V CTAB 10%-буфера и перемешали в шейкере 5 минут. Добавили равный объем раствора хлороформ-изоамиловый (24:1). Центрифугировали 8 минут при 9 000 об.мин. и осторожно отбирали 700 мкл супернатанта в новую пробирку. Сверху добавитли равный объем 96% спирта и перемешать в течение 5 минут. Центрифугировали 3 мин при скорости (12000 - 14000 об/мин). Удалить супернатант аккуратно, не теряя осадок. Добавили 300 мкл High Salt и перемешали в течение 5 минут в шейкере. Инкубировали 15 минут при комнатной температуре. Добавили 250 мкл изопропанола и перемешать осторожно 2 минуты. Центрифугировали 15 мин при максимальной скорости (10000 об/мин). Удалили изопропанол и дважды промыли осажденную ДНК 1 мл 70% этанола. Центрифугировали 3мин при максимальной скорости (13000 об/мин). Спирт слили и оставили ДНК в концентраторе для сушки при температуре +45ºС в течении 30 минут до полного испарения спирта. ДНК растворили в 100 мкл дистиллированной воды или в ТЕ-буфере. Определение концентрации ДНК проводили при помощи электрофореза в 0,9%-ном агарозном геле. Таким образом, ДНК из листьев винограда лучше выделять с использованием этого метода , так как он позволяет получать высокого качества ДНК. Чистота ДНК при спектрофотометрическом анализе 96 растений показала удовлетворительные результаты: средний коэффициент абсорбции при длине волны А260/А280 нм варьировал в пределах от 0,981,56. Количество ДНК варьировало в пределах 0,057-0,450 мг/г к свежему весу.

ЭФФЕКТИВНОСТЬ ПРЕПАРАТОВ К-2 И К-19, ПРИМЕНЕННЫХ СОВМЕСТНО С ОБЛУЧЕНИЕМ НА ЖИВОТНЫХ СО ШТАММОМ САРКОМА 180, И ИХ ВЛИЯНИЕ НА ПАТОМОРФОЗ

Нишанов Д.А., Мадалиев А.А., Еникеева З.М., Агзамова Н.А., Ибрагимов Ш.Н.

Республиканский специализированный научно-практический медицинский центр онкологии и радиологии (РСНПМЦОиР),
700174, Ташкент, ул. Фароби 383

Колхаминол (К-19) и колхаметин (К-2), новые производные колхамина, созданные в РОНЦ МЗ РУз, соответственно в 6 и 20 раз менее токсичны, чем колхамин, при этом они обладают более значительным противоопухолевым действием, превышающими активность колхамина и колхицина. Получены данные, что эти вещества обладает свойством усиливать действие облучения при воздействии на мышей и крыс с перевитыми опухолевыми штаммами. При исследовании многократного применения препарата К-2 до облучения в дозах 4,5 и 3 Гр на мышах с опухолью Саркома 180 проведено сравнение его действия с эффектом препарата К-19.

Целью настоящего исследования было сравнение эффекта К-2 и К-19 при многократном применении до облучения в дозе 4,5 и 3 Гр на животных со штаммом Саркома 180 по эффективности проведенной терапии и оценка степени патоморфоза

Материалы и методы. Препараты вводили в терапевтической дозе через 10 суток после инокуляции опухолей трехкратно, ежедневно: 1 раз в день за 16 часов до облучения в суммарной дозе 4,5 Гр., разбитой на 3 дня,– 1,5 Гр. Облучение мышей с перевитым штаммом Саркома 180 проводили локально на опухоль на аппарате «Teratron-780-E» (источник Co^{60}, мощность 1,25 MeV). Каждое животное фиксировали на специальном фиксаторе, животных экранировали свинцовым блоком со специальным отверстием на месте опухоли. Оценку результатов проводили по стандартным критериям: торможение роста опухоли (ТРО), масса тела и селезенки мышей. Достоверными считали различия при $p<0,05$ Для изучения патоморфоза

опухолей использовали парафиновые блоки, обработанные стандартным методом. Обработанные срезы толщиной 3-4мкм окрашивали гематоксилин-эозином.

Результаты. Показана эффективность веществ, введенных за 16 часов до дробного облучения, усиливать действие облучения 1,5Грх3 на опухоли Саркома 180 препаратом К-19 на 38-39%, К-2 на 39/40%, в обоих случаях с высоким уровнем ремиссий опухолей. В случае с применением более низкой дозы облучения(1Грх3) наблюдается усиление действия облучения препаратом К-19 на 51-52%, при 25% ремиссий, К-2 на 55-56%, при 50% ремиссий. Оценка влияния препаратов совместно с облучением на степень патоморфоза по Г.А.Лавниковой показала, что после проведенного лечения основные участки опухолевой ткани замещены фиброзной тканью, лимфоцитарной инфильтрацией и дистрофическими изменениями, что привело к лечебному патоморфозу III-IV степени.

РОЛЬ ВНЕДРЕНИЯ ЛЕКАРСТВЕННЫХ СРЕДСТВ ОТЕЧЕСТВЕННОГО ПРОИЗВОДСТВА ДЛЯ ЛЕЧЕНИЯ И ПРОФИЛАКТИКИ БОЛЕЗНЕЙ СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННЫХ ПТИЦ

Нурмаматов Х.П.

Республиканский государственный центр диагностики
болезней животных и безопасности продовольствия
100178, Узбекистан, г.Ташкент, Алмазарский р-н, А.Юнусова, д 1 «а»,
vetcentre@vetgov.uz

В последнее время птицеводство, как важнейщая отрасль животноводства Республики Убекистан, бурно развивается. Благодаря реформе, проводимой руководством страны, с внедрением современной технологии выращивания птиц ежегодно повышается на несколько тысяч голов общая численность птиц не только на предприятиях в промышленной основе, но и на фермерских и дехканских хозяйствах. Поэтому, несмотря на все усилия выращивания птиц, на развитие птицеводства препятствуют различные инфекционные, паразитарные и незаразные болезни, которые приведят к ухудшению общего

состояния организма, уменьшению привеса, снижению сохранности, а также является причиной отставания их в росте и развитии, снижению продукции.

Разработка технологии получения с применением современных методов и приемов биотехнологии и применение чистых в экологическом отношении лекарственных средств против этих заболеваний остаётся актуальной задачей ветеринарной науки. С применением новых лекарственных средств достигается повышение естественной резистентности организма птиц, в результате стимуляции иммунологической системы предотвращается возникновение болезней, резко уменьшается смертность среди птиц. В конечном итоге, лекарственные средства растительного или животного происхождения приведут к получению от них качественной продукции и здорового приплода.

Лекарственные средства, выпускаемые в последнее время отечественными производителями, применяются для стимуляции естественной резистентности, как иммунокорректирующие и иммуномоделирующие средства, а также для улучшения аппетита и пищеварения, обеспечивающая повышение усваиваемости полезных ингредиентов из состава кормов при выращивание цыплят различной породы и вида птиц. В результате этого достигается резкое сокращение применения различных видов антибиотиков, уменьшается потребность к антибиотикам, которые в данный момент широко применяется в птицеводстве. Черезмерное применение антибиотиков у селскохозяйственных птиц имеет серьезные последствия для общественного здравоохранения, так как способствует появлению устойчивых к антибиотикам бактерий и генов резистентности, которые могут быть переданы людам.

Поэтому проведённые нами исследования по изучению действия отечественных лекарственных средств иммуноил, химикс, пармикс, зоогацит, атонол и метастабизал, получеаемые из местного сырья, показывают положительные результаты.

Анализ проведённых экспериментов показал, что гематологические и иммунологические показатели подопытных и контрольных групп птиц в течение всего периода исследования были в грани физиологических норм. Наряду с этим были замечена некоторые существенные различия.

Выявлен высокий уровень показателей количества эритроцитов и лейкоцитов, уровня гемоглобина и гематокрита, количество Т- и В-лимфоцитов в крови и бактериоцидная и лизоцимная активность крови цыплят опытных групп, принимавших вышеуказанные лекарственные средства.

Поэтому считаем целесообразно применение в широком масштабе в птицеводстве отечественные лекарственные средства иммуноил, химикс, пармикс, зоогацит, атонол и метастабизал.

МЕТОДЫ БИОИНФОРМАТИКИ ДЛЯ ПОИСКА НЕКОДИРУЮЩИХ РНК, СВЯЗАННЫХ С УСТОЙЧИВОСТЬЮ РАСТЕНИЙ К ЗАСУХЕ

Орлов Ю.Л., Цуканов А.В., Богомолов А.Г., Добровольская О.Б.
Институт цитологии и генетики СО РАН
630090, Россия, Новосибирск, пр-т ак. Лаврентьева, 10
orlov@bionet.nsc.ru

В природе растения подвергаются широкому спектру факторов стресса, таких как засуха, холод и тепло, вирусные инфекции, которые ограничивают рост и урожайность зерновых культур. Чтобы адаптироваться и выжить в таких неблагоприятных ситуациях, растения использовали множественные регуляторные механизмы для восстановления и восстановления клеточного гомеостаза. Новые экспериментальные данные показывают, что некодирующие РНК (нкРНК) играют критическую роль в регуляции экспрессии генов в ответ на стрессовые условия. Используя преимущества современных технологий секвенирования следующего поколения и биоинформатики, в геномах растениях было идентифицировано и охарактеризовано большое число нкРНК, включая миРНК и длинные некодирующие РНК (lncRNA). Мы представляем обзор последних данных о миРНК и lncRNA растений, включая их биогенезис, ресурсы и инструменты

биоинформатики для их поиска (Wang et al., 2017).

миРНК играют ключевую роль в ответе на стресс у растений в качестве в пост-транскрипционного регулятора генов. Показана ключевая роль нкРНК в ответ и адаптацию к биотическим и абиотическим стрессам. Совместно с Лабораторией проф. Минг Чен, Университет Чжецзян, Китай, в Институте цитологии и генетики (ИЦиГ) СО РАН разработана компьютерная база данных транскриптов растений при ответе на стресс http://icg.nsc.ru/plantgenomescollaboration/.

Подобно белок-кодирующим генам экспрессия миРНК в ответе на стресс может либо увеличиваться, либо уменьшаться. Показано например, что у *Arabidopsis* в ответе на недостаток азота увеличивается экспрессия miR-160 и в тоже время снижается экспрессия miR-169 (Wang et al., 2017).

Разная экспрессия этих миРНК вовлечена в задержку роста и развития растения при стрессе. С одной стороны, недостаток азота вызывает экспрессию miR-160, что приводит к снижению экспрессии целевых генов miR-160, которые в свою очередь кодируют факторы ответа на ауксин (Auxin response fastors - ARF). ARF16 вовлечен в процесс образования клеток в корне, в то время как ARF17 регулирует Gretchen Hagen3 (GH3) – гены, подобные генам ответа на ауксин. Снижение экспрессии ARF16 и ARF17 может замедлять рост растения и,таким образом, увеличивать устойчивость к стрессу. С другой стороны, снижение экспрессии miR-160 приводит к накоплению её генов-мишеней, которые кодируют ядерный фактор Y (nuclear factor Y - NFY). Ген NFY связывается с промоторами генов кодирующих транспортеры азота, AtNRT2.1 и AtNRT1.1, и регулирует их экспрессию.

Некоторые миРНК, участвующие в ответе на стресс, являются консервативными у разных видов растений, включая зерновые. Например, несколько миРНК, участвующие в ответе на недостаток азота, у *Arabidopsis*, такие как miR-160, miR-169, miR-171, miR-395, miR-397, miR-398, miR-399, miR-408 и miR-827 участвуют в ответе на недостаток азота у кукурузы. Эти миРНК имеют одинаковый экспрессионный паттерн (увеличение экспрессии

у miR-160 и её снижение у остальных). Были обнаружены противоположные паттерны экспрессии miRNA у разных видов растений во время стресса. В ответ на засуху, экспрессия miR-156, miR-139 и miR-396 у *Arabidopsis* увеличивалась, но снижалась у риса, в то время как экспрессия miR-169 у *Arabidopsis* снижалась, а у риса увеличивалась.

Отметим, что некоторые миРНК участвуют в ответе на разные источники стресса, и по-разному отвечают на различные типы стресса. Выявлено шесть микрореакций, зависящих от ткани пшеницы, в ответ на засуху, включая miR-159, miR-172, miR-319, miR-399, miR-528 и miR-4393, экспрессия которых была индуцирована в листьях, но подавлена в корнях.

Есть новые доказательства того, что lncRNA вовлечены в процесс ответа на стрессовые воздействия окружающей среды. В базе данных PLNlncRbase собрано и документировано 1060 lncRNA связанных со стрессом в 17 различных абиотических и биотических стрессовых условиях у 43 видов растений. У растений lncRNA могут выполнять свою роль в стрессовой ситуации несколькими путями:

- взаимодействия с малыми интерферирующими РНК, которые являются мишенями специфических миРНК, что приводит к блокировке взаимодействия миРНК и ее генов-мишеней.

- lncRNA могут быть предшественниками миРНК и siRNA

- антисмысловые lncRNAs растений реагируют на стресс через взаимодействия со смысловыми мРНК

- некоторые lncRNA вовлечены в регуляторный опосредованный lncRNA путь модификации хроматина.

Данные представлены в базе данных http://icg.nsc.ru/plantgenomescollaboration/ и на сайте НГУ http://lcg.nsu.ru/network/.

Благодарности. Работа поддержана РФФИ (18-04-00483). Вычисления, необходимые для выполнения работ, были сделаны на высокопроизводительных ресурсах ЦКП "Биоинформатика" в рамках бюджетного проекта

ИЦиГ СО РАН 0324-2018-0017.

Литература

Wang J., Meng X., Dobrovolskaya O.B., Orlov Y.L., Chen M. Non-coding RNAs and Their Roles in Stress Response in Plants. Genomics Proteomics Bioinformatics. 2017; Oct 7. pii: S1672-0229(17)30137-7. doi: 10.1016/j.gpb.2017.01.007.

ПРОЯВЛЕНИЯ ГЕНОТОКСИЧЕСКОГО ВЛИЯНИЯ ЛЕКАРСТВЕННЫХ ПРЕПАРАТОВ

Рахмонова Г.Г., Якубова Р.А., Фомина М.А., Тагайалиева Н.А., Баратов К.Р.

Институт биоорганической химии АН РУз
100125, Ташкент, ул. Мирзо Улугбека, 83
raxmonova-1987@mail.ru

Изучение безопасности лекарственных средств является первым этапом доклинических исследований новых оригинальных препаратов. Наряду с изучением общетоксических свойств фармацевтической продукции, доклинические исследования безопасности лекарственных средств включают обязательное исследование специфической токсичности, а именно, мутагенности, репродуктивной токсичности, канцерогенного, аллергизирующего и иммунотоксического действий. Для оценки мутагенности и канцерогенности препаратов в настоящее время разработаны международные рекомендации по проведению тестов на генотоксичность. Эти тесты позволяют в полном объеме охватить все возможные варианты нарушения целостности генетического материала клеток, а значит, и выявить потенциальную генотоксичность новых лекарственных средств.

Материалы и методы. Исследования проводили на белых беспородных мышах в возрасте 8-9 недель. В качестве индуктора генотоксического эффекта использовали цитостатик циклофосфамид в дозе 20 мг/кг.

Тест на микроядра (МЯ) в полихроматофильных эритроцитах костного мозга мышей. Забой мышей проводили через 28 ч после введения циклофосфамида. Выделяли костный мозг из бедренных костей, наносили на предметные стекла, сушили, фиксировали, окрашивание стекол проводили по

Гимза. При увеличении ×100 проводили подсчет полихроматофильных (ПХЭ) и нормохроматофильных эритроцитов с использованием светового микроскопа. Далее определяли долю клеток с микроядрами (на 1000 ПХЭ).

Тест на хромосомные аберрации в клетках костного мозга мышей. Для накопления метафаз за 2,5 часа до приготовления препаратов мышам вводили раствор колхицина. Далее готовили препараты хромосом стандартным методом**.** Окрашивание проводили по Романовскому-Гимза. Цитогенетический анализ проводили на световом микроскопе под иммерсией при увеличении ×100.

Результаты исследования. Генотоксическое влияние циклофосфамида проявилось в обоих тестах. Соотношение ПХЭ к общему количеству эритроцитов в костном мозге мышей в контроле и при введении 20 мг/кг статистически значимо не отличалось, $p > 0,05$. При этом доля клеток с МЯ в контроле (11,5±0,3 на 1000 ПХЭ) соответствует значениям из литературных источников. Введение цитостатика статистически значимо приводит к увеличению выхода хромосомных нарушений - доля клеток с МЯ составляет 45,2±0,4 на 1000 ПХЭ, что в 4 раза выше контроля.

Изучение метафазных пластинок показало, что циклофосфамид в дозе 20 мг/кг индуцировал в достаточном количестве все фиксируемые нарушения в клетках костного мозга: 11,01±1,52% метафаз с перестройками против менее 1 % в контроле. При этом было выявлено: 6,42±1,16% хроматидных перестроек (из них 3,67±0,87% обмены и 2,75±0,76 одиночные фрагменты) и 4,58± 0,98% хромосомных перестроек (из них 2,29±0,69% обмены и 2,29±0,69% парные фрагменты).

Однако, следует отметить, что цитогенетический тест на МЯ в ПХЭ костного мозга мышей *in vivo* имеет ряд преимуществ перед цитогенетическим тестом на хромосомные аберрации в клетках костного мозга мышей *in vivo:*

- экономичен по расходу реактивов;
- требует мало времени на выполнение всего эксперимента;

- не требует высокой квалификации от специалистов;
- относится к тестам на генотоксичность в ходе клинических исследований.

ГРИБЫ-ЭНДОФИТЫ УЗБЕКИСТАНА – ПРОДУЦЕНТЫ САПОНИНОВ

Рузиева Д.М., Абдульмянова Л.И., Гулямова Т.Г.

Институт микробиологии АН РУз
100128 Узбекистан, Ташкент, ул. А.Кадири, 7Б

В настоящее время известно, что эндофиты - микроорганизмы, бессимптомно обитающие в различных частях растений, могут продуцировать те же самые редкие и важные биологически активные вещества, что и растение - хозяин. Одними из таких веществ являются сапонины, применяющиеся при лечении гепатитов, язве желудка, а также обладающие антиканцерогенной и гемолитической активностью.

В этой связи целью настоящей работы явилось изучение сапонинсинтезирующей способности местных штаммов грибов-эндофитов, выделенных из базилика душистого *(Ocimum basilicum)* и мяты перечной *(Mentha piperita),* которые еще Авиценна ценил, как средство борьбы с сердечно-сосудистыми заболеваниями, связанными с кровообращением.

Методом Hazalin et al. из корней, стеблей и листьев указанных растений нами было выделено 13 штаммов грибов-эндофитов, отнесенных к родам *Acremonium, Alternaria, Aspergillus* и *Fusarium.*

Экстракцию сапонинов из мицелия грибов-эндофитов, выращенных на жидкой среде Чапека-Докса в течении 5 суток, проводили метанолом в соотношении 1:4 в течении 30 минут с последующим концентрированием на роторном испарителе.

Методом ТСХ в системе хлороформ:метанол:вода установлено наличие веществ сапониновой природы в экстрактах трех штаммов: *Acremonium sp. – OB2S* и *Alternaria sp. – 0B6L, в*ыделенные из стебля и листа базилика

душистого *(Ocimum basilicum)*, а также *Fusarium sp. – MP11R*, выделенного из корня мяты перечной (*Mentha piperita*).

В настоящее время начаты исследования по выделению сапонин-содержащих фракций этих штаммов и определению их гемолитической активности.

БРУЦЕЛЛЁЗНАЯ ИСКУССТВЕННАЯ ВАКЦИНА (БИВ) ДЛЯ ПРОФИЛАКТИКИ БРУЦЕЛЛЁЗА ЖИВОТНЫХ

Рузимуродов М.А., Маматкулов И.Х., Игнатов П.Е.

Научно-исследовательский институт ветеринарии, г.Самарканд, nivi@vetgov.uz

Бруцеллёз (Brucellosis) является особо-опасным инфекционно-аллергическим заболеванием вызываемым микроорганизмами относящимися ко II группе по патогенности. При бруцеллёзе поражаются практически все органы и системы организма.

Основными методами борьбы с бруцеллёзом во всем мире являются серодиагностика и вакцинация животных. Диагностика бруцеллёза осуществляется с помощью Розбенгал теста, Реакции агглютинации, связывания комплемента, кольцевой пробы с молоком, РИД, ИФА, ПЦР. Однако по ряду причин они не могут быть основными при постановке диагноза и поэтому применяются в комплексе с другими методами.

Специфическая профилактика бруцеллёза крупного и мелкого рогатого проводится с применением живых вакцин из штаммов *Br.abortus 19* и *Br. melitensis Rev-1*. Наряду с достоинствами эти вакцины имеют ряд недостатков проявляющиеся в основном в длительности сохранения поствакцинальных антител у иммунизированных животных, повышенной реактогенности, абортогенности и как следствие загрязнение окружающей среды небезопасными для человека и животных бруцеллами.

В Узбекистане начаты работы по разработке и изучению ДНК вакцин против бруцеллёза. Одной из таких вакцин является «Бруцеллёзная

искусственная вакцина (БИВ)» представляющие олигонуклеотидные комплексы, извлеченные из клеточных стенок бруцелл (Игнатов П.Е., Маматкулов И.Х. и др. 1995 2000, 2003, 2010). В результате проведенных испытаний в период с 1995 по 2010 гг. с установлено, что БИВ способна вызывать иммунологический ответ у вакцинированных животных. Иммуногенность БИФ в эксперементе превышала таковую всех известных убитых вакцин, в том числе французскую из штамма *Br. abortus 45/20*. Более того она была сопоставима а в отдельных случаях превышала иммуногенность некоторых живых вакцин. Однако длительность создаваемого иммунитета при однократном введении была относительно небольшой. То есть, если через три месяца при заражении 10 ИД, БИВ защищала от 89 до 99% вакцинированных животных, то к шести месяцам этот показатель снижался до 56-70%. Эти показатели значительно улучшались при ревакцинации животных которую очень эффективно и безопасно можно проводить через каждые три месяца. Еще одним достоинством этой вакцины является то, что она не продуцирует антитела у здоровых животных и в то же время, провоцирует их выработку у животных с латентной (скрытой) формой бруцеллёза.

Еще одним перспективным направлением в ветеринарной науке является изучение олигонуклеотидов, выполняющие роль искусственных антител – ДНК-аптамеры. Аптамеры представляют собой фрагменты однонитевой РНК или ДНК (30-100 нуклеотидов), образующие трехмерные структуры при взаимодействии комплементарных участков цепи. Стоимость химического синтеза ДНК-аптамера невысока (по сравнению с моноклональными антителами их производство примерно в 100 раз дешевле), кроме того, они термостабильны, а при потере аффинности их свойства могут быть легко восстановлены, все это обеспечивает им конкурентные преимущества. Аптамеры по сравнению с традиционными, методами диагностики имеют ряд преимуществ, в первую очередь, хорошую чувствительность, специфичность и высокую скорость определения, удобны при хранении и использовании.

Благодаря этому могут быть использованы в качестве диагностики, профилактики и средства адресной доставки лекарств к клеткам-мишеням в том числе и при бруцеллёзе.

ФИТОЭКДИСТЕРОИДЫ ИЗ НАДЗЕМНОЙ ЧАСТИ РАСТЕНИЯ *STACHYS SP*

Разикова М.Ф[1]., Юсупова У.Ю[2]., Рамазонов Н.Ш.[2]

[1]Ташкентский химико-технологический институт,г.Ташкент, магистр
[2]Институт химии растительных веществ им.акад.С.Ю.Юнусова АН РУз
salihova.malikaxon@mail.ru

Возрождение интереса к фитотерапии и опыту народной медицины вызвали новую волну исследований растений в качестве источников ценных биологически активных веществ. Наблюдается устойчивый рост применения фармакологических препаратов растительного происхождения. В настоящее время большой интерес для получения новых адаптогенных лекарственных препаратов, тонизирующих пищевых добавок, косметических композиций представляют экдистероидсодержащих растения[1]. Широкое распространение экдистероидов в природе предполагает их непосредственное участие в разнообразных процессах жизнедеятельности у различных видов животных и растений[2].

В настоящее время актуальной задачей является получение физиологически активных соединений на основе отечественных растений. Одним из источников экдистероидсодержащего сырья мы изучили растения *Stachys* сем. *Lamiaceae* произрастающее в Республики Узбекистана на территории Ферганской области. *Stachys* — род многолетних, реже однолетних травянистых растений или полукустарников семейства Яснотковые[3].

С целью выявления предварительная тонкослойная хроматография метанольного экстракта надземной части *Stachys sp* показала, что растение содержит разные виды экдистероидов. Надземную часть *Stachys*

экстрагировали 7 раз MeOH. Экстракт концентрировали и разбавляли равным объемом воды. Полученный осадок удаляли фильтрацией, и упаривали MeOH. Водную часть последовательно экстрагировали хлороформом, затем н-бутанолом. После упаривания растворителей под вакуумом были получены фракции BuOH. Из бутанольной вытяжки метанольного экстракта хроматографическим разделением на колонке с силикагелем были выделена фракции, из которых элюируя системами хлороформ-метанол с отношениями 100:1, 50:1, 40:1, 30:1, 20:1, 15:1, 12:1, 9:1, 4:1 выделили 20-гидроксиэкдизон, и в очищенных фракциях сравнением с подлинными образцами обнаружили смеси малополярных экдистероидов.

Вывод: приведенный экдистероид в этом растении обнаружены впервые произрастающий на территории Ферганской долины.

Литература

1. Е.А. Борисова, Л.Н. Зибарева. Первые результаты скрининга трибы Cynareae семейства Asteraceae флоры Алтая на содержание фитоэкдистероидов// Материалы VI Международной научной конференции, Томск, 2017 с. 263.
2.Ахрем А.А., Ковганко Н.В. Экдистероиды. Химия и биологическая активность. Минск, 1989. 327 с.
3. Лекарственное растительное сырье. - Изд. офиц. - М.: Изд-во стандартов, 1990.

УЛУЧШЕНИЕ КАЧЕСТВА ХЛОПКОВОГО ВОЛОКНА С ПОМОЩЬЮ ГЕНОМНОЙ ТЕХНОЛОГИИ

Рузибоев Х.С. , Имамходжаева А.С., Буриев З.Т.

Центр геномики и биоинформатики АНРУз,
111215, Ташкентская обл., ул. Университетская, 2

Быстрое развитие биотехнологий позволяет создавать новые сорта сельскохозяйственных растений, обладающих одновременно несколькими полезными хозяйственно-полезными признаками, и при этом не теряет урожайности и качества продукции. РНК интерференция (RNAi) является одним из таких передовых биотехнологических методов. На хлопчатнике для удлинения волокна такая технология использована впервые в мире сотрудниками Центра геномики и биоинформатики АН РУз.

РНК-интерференция — процесс подавления экспрессии гена на стадии транскрипции, трансляции, деаденилирования или деградации мРНК при помощи малых молекул РНК.

Использование данной технологии было направлено на улучшение качества отечественных сортов путем создания раннеспелых и высокоурожайных форм хлопчатника путем управления геном фитохрома А1 хлопчатника (PHY A1).

Объект исследования служили отечественные сорта тетраплоидных видов хлопчатника (АН-Боявут-2, Ташкент-6, С-6524, Наманган-77). Экспериментальные растения выращивали в лабораторных условиях (в фитотроне). Технология «нокаута гена» состоит в том, что специально созданной плазмидной конструкцией, РНКи-конструкцией pHellsgate-8::PHYA1, трансформировали культуру ткани хлопчатника Кокер-312. Регенеранты скрещивали с отечественными сортами. Гибриды F_0 и F_1 - поколения, выращивали в условия фитотрона, где детально контролировали темпы роста и развитие. Гибридные растения F_1 и F_2 были раннецветущими, раннеспелыми, имели хорошо развитую корневую систему. Показатели качества волокна также были высокими, а длина волокна увеличилась до 2-8

мм. В F_2 поколении были выявлены параметры качества хлопкового волокна, (высокой средней длиной UHM, прочность - **Str**, микронейр (тонкость) - **Mic**, уровень однообразия - **Unf**, индекс коротких волокон - **Sfi**, сверкание - **Rd**, категория цвета – **CG,** и желтизна - + **B)**, соответствующие государствен-ными стандартами. Был проведен направленный отбор и выращивание следующих поколений.

Положительные фенотипические изменения показывают положитель-ную роль технологии ген-нокаута в получении более усовершенствованных сортов хлопчатника. Данная методика может быть применена к любым сортам хлопчатника.

ДИФФЕРЕНЦИРУЮЩИЙ ПОТЕНЦИАЛ SNP-МАРКЕРОВ ДЛЯ ОПРЕДЕЛЕНИЯ ЧИСТОПОРОДНОСТИ БУРМАНСКОЙ КОШКИ

Снытков Е.В.[1], Миронюк О.С.[1], Кипень В.Н.[1,2]

[1]Белорусский государственный университет, МГЭИ им. А. Д. Сахарова БГУ, 220070, г. Минск, Республика Беларусь evsnytkov@gmail.com
[2]ГУ «Научно-практический центр Государственного комитета судебных экспертиз Республики Беларусь», 220090, г. Минск, Республика Беларусь slavakipen@rambler.ru

Введение. Бурманская порода кошек является древней породой, представители которой были привезены в Европу в середине 1920-х годов. Бурманская кошка характеризуется крепким телосложением, короткой блестящей шерстью, большими округлыми глазами желтого цвета. Данная порода активно изучалась при создании генетической базы данных о существующих породах кошек с целью определения породоспецифичных тетрануклеотидных STR-локусов для дифференциации пород [1].

Цель и задачи. Цель данного исследование – оценить дифференцирующий потенциал SNP-маркеров для определения чистопородности бурманской кошки.

Материалы и методы. Определение генотипа по SNP-маркерам был выполнено с использованием алгоритма SRA Nucleotide BLAST (Sequence Read Archive Nucleotide BLAST) и программы Unipro UGENE v.1.29. Количество включенных в анализ SNP – 49 [2].

Были использованы SRA-данные по полногеномному секвенированию (NGS), размещенные в открытом доступе на облачном сервисе DNAnexus (http://sra.dnanexus.com/), а также в SRA-NCBI – high-throughput DNA and RNA sequence read archive (www.ncbi.nlm.nih.gov/sra). Число полногеномных прочтений для животных вида *Felis silvestris catus* – 99 (Asian domestic cat – 13; Abyssinian – 2; Bengal – 3; Birman – 4; British Shorthair – 4; Burmese – 6; Devon Rex – 4; Egyptian Mau – 1; Himalayan – 2; LaPerm – 2; Lykoi – 1; Maine Coon – 1; Maine Coon Cross – 10; Napoleon – 6; Oriental Shorthair – 13; Persian – 2; Peterbald – 1; Ragdoll – 2; Selkirk Rex – 5; Siamese – 10; Siberian – 1; Tennessee Rex – 1; Tonkinese – 2). Общее количество проанализированных сиквенсов – 37 993 322 328.

Определение дифференцирующего потенциала SNP-маркеров для определения чистопородности бурманской кошки определяли с использованием ROC-анализа в SPSS v.20.0. При наличии нижней границы асимптотического 95% доверительного интервала более 0,5 для параметра AUC (площадь под кривой) SNP позиционировался как генетический маркер с высоким дифференцирующим потенциалом.

Результаты исследования. Проведенный биоинформатический анализ, направленный на определение генотипа по 49 SNP для 99 животных вида *Felis silvestris catus*, позволил рассчитать частоты встречаемости минорной и мажорной аллелей. Данные результаты легли в основу математического анализа с использованием ROC.

Определено, что наибольшим дифференцирующим потенциалом из числа исследованных для определения чистопородности бурманской породы кошек обладают следующие 6 SNP: rs43907059 (Chr.D4:49990525) – AUC=0,872 (95% ДИ=[0,753-0,991]), rs44078178 (Chr.A3:117799156) – AUC=0,791 (95%

ДИ=[0,621-0,961]), rs43774667 (Chr.A1:67542780) – AUC=0,779 (95% ДИ=[0,602-0,956]), rs43935846 (Chr.F1:21632298) – AUC=0,756 (95% ДИ=[0,565-0,947]), rs43984890 (Chr.B4:129852848) – AUC=0,744 (95% ДИ=[0,602-0,887]) и rs43889635 (Chr.D2:49776338) – AUC=0,698 (95% ДИ=[0,516-0,879]).

Выводы. В результате проведенного анализа определен дифференцирующий потенциал ряда SNP для определения чистопородности бурманской породы кошек. Из 49 SNP отобраны 6 с наибольшим дифференцирующим потенциалом. Данные по SNP будут использованы в дальнейшем анализе с использованием метода многомерного сокращения размерности (MDR, Multifactor dimensionality reduction) по схеме, предложенной в [3,4].

ЛИТЕРАТУРА

1. Menotti-Raymond, M. A Population Genetic Database of Cat Breeds Developed in Coordination with a Domestic Cat STR Multiplex / M. Menotti-Raymond [et al.] // J. Forensic Sci. 2012. Vol.57(3). P. 596–601.

2. Ashley Brooks, B. SNP Miniplexes for Individual Identification of Random Bred Domestic Cats / B. Ashley Brooks [et al.] // J Forensic Sci. – 2016. – Vol. – 61(3). – P. 594–606.

3. Кипень, В.Н. Использование полногеномных данных проектов NGS для поиска решения криминалистической задачи по дифференциации диких кабанов и домашних свиней на основе анализа SNP / В.Н. Кипень // В сборнике: Молекулярная диагностика 2017 сборник трудов IX Всероссийской научно-практической конференции с международным участием. 2017. С. 305-306.

4. Кипень, В.Н. Определение «новых» SNP, обладающих дифференцирующей способностью для различения особей *Sus scrofa domesticus* и *Sus scrofa scrofa* / В.Н. Кипень, Е.В. Снытков // В сборнике: Молекулярная диагностика 2017 сборник трудов IX Всероссийской научно-практической конференции с международным участием. 2017. С. 420-421.

ОПРЕДЕЛЕНИЕ ЧИСТОПОРОДНОСТИ КОШЕК ПОРОДЫ ДЕВОН-РЕКС С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ SNP-МАРКЕРОВ

Снытков Е.В.[1], Миронюк О.С.[1], Кипень В.Н.[1,2]

[1]Белорусский государственный университет, МГЭИ им. А. Д. Сахарова БГУ, 220070, г. Минск, Республика Беларусь evsnytkov@gmail.com
[2]ГУ «Научно-практический центр Государственного комитета судебных экспертиз Республики Беларусь», 220090, г. Минск, Республика Беларусь slavakipen@rambler.ru

Введение. Порода кошек Девон-рекс появилась в Великобритании в 1960-х годах, характеризуется кудрявой, мягкой и короткой шерстью, средним размером. Данная порода изучалась в исследовании, целью которого было использование STR-локусов и однонуклеотидных полиморфных вариантов для оценки генетической подразделенности между породами и изучение связи этих филогенетических и популяционных данных с историей пород кошек [1].

Цель и задачи. Цель данного исследование – оценить дифференцирующий потенциал SNP-маркеров для определения чистопородности кошки породы Девон-рекс.

Материалы и методы. Определение генотипа по SNP-маркерам был выполнено с использованием алгоритма SRA Nucleotide BLAST (Sequence Read Archive Nucleotide BLAST) и программы Unipro UGENE v.1.29. Количество включенных в анализ SNP – 49 [2].

Были использованы SRA-данные по полногеномному секвенированию (NGS), размещенные в открытом доступе на облачном сервисе DNAnexus (http://sra.dnanexus.com/), а также в SRA-NCBI – high-throughput DNA and RNA sequence read archive (www.ncbi.nlm.nih.gov/sra). Число полногеномных прочтений для животных вида *Felis silvestris catus* – 99 (Asian domestic cat – 13; Abyssinian – 2; Bengal – 3; Birman – 4; British Shorthair – 4; Burmese – 6; Devon Rex – 4; Egyptian Mau – 1; Himalayan – 2; LaPerm – 2; Lykoi – 1; Maine Coon – 1; Maine Coon Cross – 10; Napoleon – 6; Oriental Shorthair – 13; Persian – 2; Peterbald – 1; Ragdoll – 2; Selkirk Rex – 5; Siamese – 10; Siberian – 1; Tennessee Rex – 1; Tonkinese – 2). Общее количество проанализированных сиквенсов –

37 993 322 328.

Определение дифференцирующего потенциала SNP-маркеров для определения чистопородности кошки Девон-рекс определяли с использованием ROC-анализа в SPSS v.20.0. При наличии нижней границы асимптотического 95% доверительного интервала более 0,5 для параметра AUC (площадь под кривой) SNP позиционировался как генетический маркер с высоким дифференцирующим потенциалом.

Результаты исследования. Проведенный биоинформатический анализ, направленный на определение генотипа по 49 SNP для 99 животных вида *Felis silvestris catus,* позволил рассчитать частоты встречаемости минорной и мажорной аллелей. Данные результаты легли в основу математического анализа с использованием ROC.

Выявлено, что наибольшим дифференцирующим потенциалом из числа исследованных для определения чистопородности породы кошек Девон-рекс обладают следующие 3 SNP: rs43935846 (Chr.F1:21632298) – AUC=0,884±0,057 (95% асимптотический доверительный интервал (ДИ) 0,772-0,996), rs43988564 (Chr.B4:126339744) – AUC=0,779±0,085 (95% ДИ=[0,613-0,946]), rs43953592 (Chr.F2:48711167) – AUC=0,756 (95% ДИ=[0,565-0,947]).

Выводы. В результате проведенного анализа определен дифференцирующий потенциал ряда SNP для определения чистопородности породы кошек Девон-рекс. Из 49 SNP отобраны 3 с наибольшим дифференцирующим потенциалом. Данные по SNP будут использованы в дальнейшем анализе с использованием метода многомерного сокращения размерности (MDR, Multifactor dimensionality reduction) по схеме, предложенной в [3,4].

ЛИТЕРАТУРА

1. Menotti-Raymond, M. Patterns of molecular genetic variation among cat breeds / M. Menotti-Raymond [et al.] // Genomics. 2008. Vol.91(1). P. 1–11.
2. Ashley Brooks, B. SNP Miniplexes for Individual Identification of Random Bred Domestic Cats / B. Ashley Brooks [et al.] // J Forensic Sci. – 2016. – Vol. –

61(3). – P. 594–606.
3. Кипень, В.Н. Использование полногеномных данных проектов ngs для поиска решениякриминалистической задачи по дифференциации диких кабанов и домашних свиней на основе анализа snp / В.Н. Кипень // В сборнике: Молекулярная диагностика 2017 сборник трудов IX Всероссийской научно-практической конференции с международным участием. 2017. С. 305-306.
4. Кипень, В.Н. Определение «новых» snp, обладающих дифференцирующей способностью для различения особей sus scrofa domesticus и sus scrofa scrofa / В.Н. Кипень, Е.В. Снытков // В сборнике: Молекулярная диагностика 2017 сборник трудов IX Всероссийской научно-практической конференции с международным участием. 2017. С. 420-421.

АНТИОКСИДАНТНЫЙ И ГИПОГЛИКЕМИЧЕСКИЙ ЭФФЕКТ ПРЕПАРАТА ГОССИТАН.

Саатов Т.С., Мустафакулов М.М., Ибрагимов З.З., Ишанходжаев Т.М., Ибрагимова Э.А., Абдулладжанова Н.Г., Иргашева С.У., Зайнутдинов Б.Р.

Институт биоорганической химии им. академика А.С. Садыкова АН РУз,
100125, г.Ташкент, ул М.Улугбек, 83,
mmustafakulov@bk.ru

Одним из патогенетических механизмов развития осложнений при сахарном диабете является окислительный стресс, сопровождающийся усилением генерации свободных радикалов и снижением активности антиоксидантной системы, в том числе и в β-клетках поджелудочной железы, что приводит к снижению продукции инсулина и как следствие к гипергликемии. В связи с этим необходим поиск и разработка препаратов, обладающих антиоксидантной и гипогликемической активностью .

Цель: Исследование антиоксидантного и гипогликемического эффекта полифенольного препарата госситан.

Материалы и методы. Препарат госситан создан на основе полифенольных соединений, выделенных из листьев Gossypium hirsutum L. Препарат эффективен против различных штаммов гриппа, обладает интерферонпродуцирующим и противовирусным действием .Антиоксидантные свойства госситана исследовали на моделях аутоокисления адреналина и аскорбатзависимого ПОЛ in vitro.Экспериментальную модель диабета вызывали трехкратным

внутрибрюшинным введением диабетогенной дозы аллоксана. При достижении уровня глюкозы в крови более 11 ммоль/л (10 сутки после введения аллоксана) интрагастрально начинали вводить в течении 10 дней полифенольный препарат госситан в дозе 4,9 мг/кг веса. В качестве контроля на антиоксидантное и гипогликемическое действие госситана были взяты полифенол кверцетин и коммерческий сахароснижающий препарат гликлазид.

Результаты: Оценка выраженности антиоксидантного эффекта показала, что гликлазид ингибирует окисление адреналина на 10%, кверцетин на 35,7%, госситан на 37,7%. На модели аскорбатзависимого ПОЛ in vitro установлено, что госситан снижает содержание ТБК продуктов в два раза. Пероральное введение полифенолов животным с экспериментальным диабетом в течение 10 дней вызывало изменения в уровне глюкозы в крови животных. Введение госситана и кверцетина в дозе, соответствующей оптимальной действующей концентрации, достоверно снижало уровнь глюкозы в крови животных с экспериментальным диабетом на43,6% и 38,2% соответственно.

Выводы: Полифенольный препарат госситан обладает антиоксидантной активностью, близкой к кверцетину. Курсовое введение госситана животным с экспериментальным диабетом вызывает снижение уровня глюкозы крови, что, очевидно, связано с частичным восстановлением активности глюкокиназы печени крыс, играющей важную роль в утилизации глюкозы тканями животных.

НЕЙРИТСТИМУЛИРУЮЩАЯ АКТИВНОСТЬ МЕДИЦИНСКОЙ ПИЯВКИ В ОРГАНОТИПИЧЕСКОЙ КУЛЬТУРЕ СПИНАЛЬНЫХ ГАНГЛИЕВ

Саатов Т.С., Артыкбаева Г.М., Ялалова И.Р., Мамаджанов А.
Институт биоорганической химии АН РУз
100125, Ташкент, ул.М.Улугбека,83.
gulnoraar@rambler.ru

Открытие нейротрофических факторов (НТФ) медицинской пиявки (МП) стало событием, объясняющим эффективность гирудотерапии при

лечении неврологических больных. В эмбриогенезе и постнатальном периоде НТФ участвуют в дифференцировке, созревании и поддержании выживаемости клеток периферической и центральной нервной системы. НТФ участвуют в создании структуры нервной ткани, в формировании фенотипа клеток, а также в регуляции количественного состава различных нейрональных популяций путем супрессии программированной нейрональной гибели.

Целью работы было изучение нейритстимулирующего эффекта экстракта МП в культивируемых органо-типических эксплантатах спинальных ганглиев куриных эмбрионов. Для оценки нейритстимулирующего эффекта использовался морфометрический метод, позволяющий измерять площадь ганглия вместе с зоной роста нейритов, после добавления в питательную среду препаратов. Оценку результатов проводили по пятибалльной шкале, предложенной Фентоном. Использование данного метода тестирования активности НТФ для анализа водных экстрактов из головной области лиофильно высушенных МП и экстрактов из тела пиявок позволило обнаружить такую активность только в экстракте из головной области. Увеличение роста нейритов по сравнению с контролем составило +4 балла при концентрации белка 400нг/мл среды. Прогревание при 100 градусов в течение 20 минут лишало экстракт нейротрофической активности. Это показывает, что присутствующие в водных экстрактах головной части пиявки стимуляторы роста нервных волокон являются термонестабильными. Установлено, что нейротрофический эффект связан, по крайней мере, с одним из компонентов секрета слюнных желез – с препаратом дестабилазы-М. Нейритстимулирующее действие дестабилазы, высокоспецифической гидролазы, объясняется тем, что жизненно важные функции гидролаз реализуются в процессах развития, репарации и атрофии тканевых структур. Не является исключением и нервная система, где формирование, поддержание и элиминирование синапсов регулируется локально

экспрессированными протеазами и их ингибиторами, воздействующими на определенные участки синаптической мембраны.

ВЫДЕЛЕНИЕ ИНДИВИДУАЛЬНЫХ МЕТАБОЛИТОВ, ПРОДУЦИРУЕМЫХ БАКТЕРИАЛЬНЫМ ШТАММОМ *PSEUDOALTEROMONAS* 1020R

[а,б]Солиев А.Б., [б]Эномото К. [а]Адылова А.Т.

[а]Центр Геномики и биоинформатики АН РУз
111215, Узбекистан, Ташкентская обл., Кибрайский р-н, ул. Университетская, д. 2;
[б]Технологический университет Кочи
782-8502, Япония, Префектура Кочи, Тосаямада, Миянокучи, 185

Вторичные метаболиты из морских бактерий, особенно те, которые имеют уникальные цветные пигменты, играют важную роль не только в жизнедеятельности самих бактерий, но также обладают широким спектром биологических свойств, включая антибиотическую и противоопухолевую активности [1]. Последние привлекают к себе особый интерес ввиду постоянной потребности в химиотерапевтических лекарствах, которые обладали бы высокой избирательностью по отношению к злокачественным клеткам. Настоящая работа посвящена изучению фракционного состава красного пигмента, выделенного из морского бактериального штамма *Pseudoalteromonas* 1020R, как нового вещества с потенциальным фармакологическим эффектом.

Предметом исследования был бактериальный штамм, выделенный из морской воды на глубине 320 м от побережья мыса Мурото, префектура Кочи, Япония. Бактерии выявлялись путем распыления морской воды на пластинки, содержащие PPES-II среду с последующим инкубированием их при 20°C в течение 5 – 6 дней. Бактерия, продуцирующая красные колонии, была выделена и названа штаммом 1020R.

Установлено, что pH среды имеет большое значение при продуцировании красного пигмента. Так, наибольшее количество пигмента продуцировалось, когда бактерию культивировали при pH 7,0 при

интенсивном встряхивании, хотя ранее считалось, что для продуцирования нужна среда с pH 8,0 без интенсивного встряхивания.

Результаты ВЭЖХ анализа показали, что красный пигмент состоит из семи индивидуальных соединений, названных P-1, P-2, P-3, P-4, P-5, P-6, P-7, определено процентное содержание каждого из них в общем количестве пигмента.

Предстояла задача выделить каждую фракцию индивидуально для установления их химической структуры. Для этого красный пигмент был подвергнут колоночному разделению сначала с использованием силикагеля, а затем ODS – в качестве стационарной фазы. Разделение осуществляли самотеком при скорости потока 5-10 мл/мин. Элюцию проводили сначала чистым хлороформом, а затем смесью хлороформ/метанол в различных соотношениях. Однако крайне малые количества и нестабильность некоторых отдельных веществ не позволили нам накопить их в количестве, достаточном для дальнейших исследований. Единственным компонентом красного пигмента, анализ которого был доведен до логического конца, была фракция P-2, которого удалось набрать в количестве порядка 0,85 мг.

С помощью методов масс-спектроскопии высокого разрешения (HR-MS) и ЯМР спектроскопии была окончательно идентифицирована химическая структура компонента P-2 краснокрашенного пигмента бактерии *Pseudoalteromonas* 1020R, который представляет собой 2-метил-3-бутилпродигинин.

ОПРЕДЕЛЕНИЕ РОДОВОЙ ПРИНАДЛЕЖНОСТИ БАКТЕРИАЛЬНОГО ШТАММА 1020R НА ОСНОВЕ ГЕНА 16S РНК

[а,б]Солиев А.Б., [б]Эномото К., [а]Адылова А.Т.

[а]Центр Геномики и биоинформатики АН РУз
111215, Узбекистан, Ташкентская обл., Кибрайский р-н, ул. Университетская, д. 2;
info@genomics.uz
[б]Технологический университет Кочи
782-8502, Япония, Префектура Кочи, Тосаямада, Миянокучи, 185

Исследование биоразнообразия микроорганизмов морской среды имеет как фундаментальный, так и прикладной интерес. Это связано, в первую очередь, с поиском неизвестных ранее науке штаммов и видов, а также с биотехнологической значимостью многих представителей данной экосистемы.

В настоящее время «золотым» стандартом видовой идентификации бактерий является секвенирование ДНК, при этом ген, кодирующий 16S рРНК, считается главным филогенетическим маркером, используемым всеми биоинформатическими ресурсами и базами данных, включая Ribosomal Database Project (RDP) и Greengenes database.

Целью настоящей работы была родовая идентификация бактериального штамма 1020R, выделенного из сообщества морских бактерий на глубине 320 м от побережья мыса Мурото, префектура Кочи, Япония, которая продуцирует красный пигмент.

Морфологические и биохимические характеристики штамма 1020R показали принадлежность данной бактерии к группе грамотрицательных микроорганизмов со стержневой морфологией (0,7-0,8×1,5-2,0 мкм).

Принимая во внимание исключительно высокое разнообразие типов гена 16S рРНК, принадлежащих микроорганизмам из широкого спектра таксономических категорий, нами в работе было использовано несколько праймерных групп: форвард (FW07) и реверс (RV03), соответствующие позициям с 8 по 27 и с 1542 по1522 нуклеотида, соответственно, гена 16S рРНК E. coli; внутренние, описанные Hiraishi (1992), универсальные для прокариот праймеры - f2L, f3L, r1L, r3L, а также праймер f2.2L, специально разработанный

для данного исследования в связи с отсутствием однозначной информации, полученной на основании праймера f2L. Секвенирование амплифицированных фрагментов ДНК было проведено в Bio Matrix Research Inc. (Япония) методом окрашенного терминатора, итогом которого явилось установление последовательности нуклеотидов (размером в 1485 п.н.) гена 16S рРНК штамма 1020R.

Для построения филогенетического дерева были использованы 7 аннотированных бактериальные штаммов, продуцирующие окрашенные метаболиты, и обитающие в схожей со штаммом 1020R экосистеме. На основании сиквенса гена 16S рРНК штамма 1020R и сравнения «ридов» с нуклеотидной последовательностью гомологичных участков рибосомального оперона аннотированных бактерий через базу данных GenBank была установлена близость данного бактериального штамма 1020R к роду *Pseudoalteromonas.*

Штамм депонирован в Центре биологических ресурсов (National Biological Resource Center (NBRC) Национального института технологии и оценки (National Institute of Technology and Evaluation, NITE) (Япония) и ему присвоен номер доступа NBRC 107707.

УАК-ПОПУЛЯЦИЯСИ ОТА-ОНА ГЕНОТИПЛАРИНИНГ ЎЗАРО ГЕНЕТИК ХИЛМА-ХИЛЛИГИ ВА ФИЛОГЕНЕТИК МУНОСАБАТИЛАРИ

Тураев О.С., Нормаматов И.С., Холмуродова М.М., Бойқобилов У.А.,
Аллаяров Х.Н., Худойқулов С.Х., Қуйсинова Ю.М.,
Амиров И.Б., Кушанов Ф.Н.

ЎзР ФА Геномика ва биоинформатика маркази
111215, Ўзбекистон Республикаси, Тошкент вил., Қибрай тум., Университет кўч. 2-уй
ozod.turaev@genomics.uz

Ғўза селекцияси дастурларининг муваффақияти асосан селекцион материалларнинг генетик ўзгарувчанлиги маълумотларининг мавжудлигига боғлиқ. Ушбу ўзгарувчанлик ўсимлик гуруҳлари ичидаги ва орасидаги

генетик муносабатларга ва хилма-хилликка боғлиқ. Ўзида кенг миқёсда фойдали аллелларни намоён этувчи бир қатор намуналарга эга бўлиш, ҳар қандай селекцион дастурлар учун жуда муҳимдир. Бу эса гермоплазма ва ундаги қимматли ғўза намуналарини давомли равишда сақлаш, бошқариш ва баҳолашни талаб этади.

ДНК-асосидаги молекуляр маркерлардан фойдаланиш, гермоплазма коллекциясини тавсифлаш, генетик хилма-хилликни баҳолаш, селекцион жараёнларни тезлатиш, нав идентификацияси, уруғни сертификатлаш ва ўсимлик селекционери ҳуқуқлари каби барча селекцион мақсадлар учун кучли воситага айланди. Шунингдек, молекуляр маркерларидан ғўзанинг тур ичи ва турлар аро намуналарида генетик хилма-хиллик ва филогенетик муносабатлар таҳлилларини амалга оширишда фойдаланилмоқда.

Тадқиқотимизда ғўзада яратилган уяли ассоциатив карталаштириш популяцияси (УАК) ота-она намуналари (умумий оналик шакли сифатида Наманган-77 нави ҳамда оталик шакллари KK1796, KK1795, L-1000, C-9006, KK1086, Catamarca 811, C-9008, L-N1, L-141, Hapicala-19, 0-030, C-4769, L-45, Занги-Ота, Saenr Pena 85, C-2025, KK-602, SAD-35-11 ва C-417) фойдаланилдик.

Умумий оналик шакли Наманган-77 нави ҳамда қолган 19 та ғўза намуналари ўртасидаги генетик полиморфизмларни аниқлаш мақсадида мавжуд ғўза микросателлит маркерлар тўпламидан 843 та SSR праймерлари билан ПЗР скрининг қилинди. ПЗР натижалари гель-электрофорез усулида генотипланди.

Таҳлил натижаларига кўра ота-она генотиплари ўртасида 228 та ДНК-маркери полиморф (генотипик жиҳатдан хилма-хил) эканлиги кузатилди. Генотиплаш учун 195 та BNL, 107 та CIR, 46 та JESPR, 107 та TMB, 316 та NAU ва 72 та GH праймер жуфтликларидан фойдаланилди.

Ота-она намуналарини генотиплаш натижасида, фойдаланилган SSR праймерлари орасида GH SSR тўплами энг юқори полиморфизмни (60,0 %) кўрсатди. Фойдаланилган 195 та BNL SSR маркерларидан 150 тасида

амплификация бўлган, шундан 70 таси (46,7 %) Наманган-77 нави ва қолган 19 та намуналар ўртасида полиморфлиги, 80 таси (53,3 %) эса мономорф эканлиги аниқланди. Бундан ташқари, 45 та праймер жуфтликлари амплификация бермаганлиги аниқланди. Шу билан бирга, JESPR SSR тўпламининг амплификация бўлган маркерларидан 45,0 % полиморф ва 55,0 % мономорфлиги кузатилди.

Фойдаланилган микросателлит маркерлар тўплами ичида TMB SSR тўплами энг паст полиморфизмни (26,2 %) намоён этди.

УАК популяцияси ота-она намуналарининг ўзаро генетик полиморфизми маълумотларидан фойдаланиб XLSTAT комютер дастурида уларнинг филогенетик шажараси тузилди.

Иерархик кластерлаш усулида таҳлил қилинганда УАК популяцияси ота-она намуналари филогенетик жиҳатдан учта синфга ажралди. Уларнинг ҳар бири орасидаги ўзаро филогенетик масофаси аниқланди. Бу эса ўз навбатида УАК популяцияси учун умумий она генотип бўлган Наманган-77 навининг қолган 19 та ғўза намуналари билан генетик жиҳатдан ўзаро яқин ёки узоқлигини кўрсатиб берди. Шунингдек, ушбу дендрограммадаги маълумотлар Наманган-77 нави билан энг узоқ филогенетик муносабатда бўлган генотиплар асосида олинган популяцияларда гентик хилма-хилликларнинг юқори эканлигини тасдиқлайди. Натижада популяцияда мавжуд кенг генетик хилма-хилликлар келгуси тадқиқотларда амалга оширилади ган уяли ассоциатив карталаштириш потенциалини янада оширади.

ИССЛЕДОВАНИЕ ЭФФЕКТИВНОСТИ ПРОБИОТИКА «ЛАКТО-ВЕТ» ПРИ ВВЕДЕНИИ В РАЦИОН КОРМЛЕНИЯ КУР

Таиров Ж. Э., А.Т.Рахимов

Республиканский Государственный Центр Диагностики Болезней Животных и Безопасности Продовольствия, 100126 Узбекистан, г. Ташкент, ул. Юнусова ,1а.
tairov.j.e@mail.ru

В последние годы во всех регионах нашей страны последовательно развивается птицеводство, что служит важным фактором удовлетворения потребностей населения в диетических продуктах питания. Однако воздействие на организм животных неблагоприятных факторов различной природы, в том числе возбудителей инфекционных заболеваний, вызывают иммунодефицитные состояния различной степени тяжести, что обычно приводит к снижению резистентности и продуктивности (И. А. Болотников и др., 1993, В. М. Земсков и др., 1995). Одним из показателей, характеризующих здоровье птицы, а также нормальный рост и развитие молодняка, является живая масса. Цыплята, особенно в условиях клеточного содержания, в течение первых двух месяцев жизни растут очень интенсивно, в дальнейшем интенсивность роста значительно снижается. За первый месяц жизни масса цыпленка увеличивается в 7-8 раз. В наших исследованиях цыплята были распределены в три группы, при этом опытным группам цыплят пробиотик применяли с кормом из расчета 1мл на 1 кг течение 2 месяцев. В первой опытной группе применяли добавку с 6-дневного возраста, а во второй с 12-дневного возраста. В контрольной группе добавку не применяли. Оцениваемые параметры включали результаты динамики живой массы ремонтного молодняка и результаты клинических наблюдений. Экспериментальные наблюдения: ни в одной из групп не наблюдались явные признаки токсичности пробиотика. Цыплята всех групп были клинически здоровы, аппетит нормальный, диспепсических расстройств не наблюдалось, рост и развитие без патологий. Показатели живой массы в опытных группах к концу первого периода выращивания значительно превосходят показатели

живой массы в контрольной группе. Так, живая масса цыплят в первой опытной группе на 11,3% превышает аналогичный показатель в контрольной группе. Во второй опытной группе живая масса по сравнению с первой опытной группой ниже на 30 г или на 4,5%. Из полученных данных можно заключить, что пробиотик «ЛАКТО-ВЕТ», положительно воздействует на рост организма ремонтного молодняка яичных кур, а начало скармливания его в 6-дневном возрасте дает более высокий прирост живой массы, нежели начало скармливания в 12-дневном возрасте. Разница между опытными и контрольной группами высоко достоверна при P>0,999. Далее, для контроля роста и развития молодняка определялся среднесуточный прирост и интенсивность роста подопытной птицы. Показано, что среднесуточный прирост в опытных группах выше, чем в контрольной. В первой опытной группе среднесуточный прирост за весь период выращивания превышает тот же показатель в контрольной группе на 1,2 г или на 12,5%, а среднесуточный прирост во второй опытной группе выше на 0,7 г или на 7,3%. Интенсивность роста в 1-й опытной группе за исследуемый период на 2,3%, во второй опытной группе на 1,3% выше, чем в контрольной. И интенсивность прироста в 1-й группе на 1,0% выше, чем во 2-й опытной группе. Из представленных данных можно сделать вывод, что пробиотик «ЛАКТО-ВЕТ», при добавлении его в корм в дозе 1 мл на 1 кг корма**,** обладает ростостимулирующим эффектом; лучшие показатели получены при более раннем начале скармливания, т.е. с 6-дневного возраста. Объясняется это тем, что пробиотик «ЛАКТО-ВЕТ», оказывает благоприятное действие на развитие нормальной микрофлоры кишечника, а также способствует лучшему усвоению и всасыванию витаминов, макро- и микроэлементов из поступающей в организм пищи. Пробиотик «ЛАКТО-ВЕТ», улучшая усвоение питательных веществ корма и увеличивающего конверсию, способствует сохранности поголовья ремонтного молодняка. Применение пробиотика «ЛАКТО-ВЕТ» в кормлении ремонтного молодняка яичных кур, начиная с первых дней жизни, благоприятно влияет и на дальнейшие периоды выращивания.

ИСПОЛЬЗОВАНИЕ ГЕНОМНЫХ ТЕХНОЛОГИЙ ДЛЯ УЛУЧШЕНИЯ КАЧЕСТВА ХЛОПКОВОГО МАСЛА

Убайдуллаева Х.А., Камбурова В.С., Назарова Е.Ф., Абдурахмонов И.Ю.

Центр Геномики и биоинформатики АН РУз
111215, Ташкентская область, Кибрайский район, ул. Университетская, д. 2
hurshida_70@mail.ru

Хлопчатник (*Gossypium* spp.) является ведущей коммерческой культурой, выращиваемой во всем мире из-за ценного волокон. Вместе с тем, хлопчатник также является богатой питательными веществами пищевой культурой, поскольку семена хлопчатника содержат высококачественный белок и масло. Хлопковое масло имеет соотношение полиненасыщенных и насыщенных жирных кислот, равное 2: 1. Оно обычно содержит 70% ненасыщенных (олеиновая и линолевая кислоты) и 30% насыщенных (пальмитиновая и стеариновая) жирных кислот. Другим преимуществом хлопкового масла является высокий уровень токоферолов, которые являются природными антиоксидантами.

К недостаткам хлопкового масла можно отнести достаточно высокое содержание госсипола и низкое (около 20%) содержание в семенах *Gossypium hirsutum*. В связи с этим, одним из важных направлений применения геномных технологий для хлопчатника стало улучшение качества хлопкового масла без потери качества волокна.

Первыми такими попытками явилось применение технологий антисмысловых конструкций, благодаря которым были получены растения хлопчатника с пониженным содержанием госсипола и улучшенным составом масла. Так, Martin et al. (2003) разработали и трансформировали хлопок при помощи антисмысловой конструкции *CDN1-Cl*, члена сложного семейства генов дельта - (+) кадинен (CDN) синтазы. Эти усилия привели к снижению активности гена *CDN* синтазы и снижению уровня госсипола до 70%. Позднее Townsend et al. (2005) сообщили, что агробактериальная генетическая трансформация конститутивными или семя-специфичными антисмысловыми

конструкциями вызывала подавление генов *CDN1-C4* в ответ на инфицирование котиледонов бактериальным некрозом у конститутивных антисмысловых растений, позволяя предположить специфическую роль определенных сесквитерпенов хлопчатника в патогенезе бактериального некроза у хлопчатника. Сходная антисмысловая технология также использовалась для улучшения хлопкового масла Sunilkumar et al. (2005), где авторы разработали гомологичный промотор альфа-глобулина B, индуцируемый антисмысловой конструкцией, для гена *FAD2*, что снижает экспрессию дельта -12 десатуразы в семенах хлопчатника. Усилия привели к двукратному увеличению линолевой кислоты в трансгенных семенах.

В дальнейшем с развитием и пониманием механизмов РНК интерференции (RNAi) данная технология стала главным исследовательским инструментом для изучения функций генов и селекции новых сортов хлопчатника, включая сорта с улучшенным качеством масла. Так, например, РНК-опосредованное «шпилечное» подавление экспрессии генов *GhSAD-1*, кодирующего стеароил-ацил белок-переносчик дельта 9-десатуразы, *GhFAD2-1*, кодирующего олеоил-фосфатидилхолин омега 6-десатуразу, и *GhFATB*, кодирующего тиоэстеразу пальмитоил-ацильного переносчика, существенно улучшают качество хлопкового масла, повышая содержание олеиновой кислоты.

Наряду с этим, ткань-специфичная РНК интерференция гена (ов) δ-кадинен синтазы позволяет получать линии хлопчатника со сверхнизким содержанием госсипола (OLGCS) в семенах, которые проявляют стабильные эффекты в течение нескольких поколений. При этом такое подавление синтеза госсипола не затрагивает другие вегетативные органы хлопчатника и не снижает устойчивость растений к насекомым вредителям.

Таким образом, анализ применения геномных технологий по улучшению качества хлопкового масла показывает, что в это направление является одним из перспективных в геномике хлопчатника и в настоящее время интенсивно развивается.

ТРАНСКРИПЦИОННОЕ РЕГУЛИРОВАНИЕ ИНИЦИАЦИИ ВОЛОКНА ХЛОПЧАТНИКА

Убайдуллаева Х.А., Камбурова В.С., Назарова Е.Ф., Абдурахмонов И.Ю.

Центр Геномики и биоинформатики АН РУз
111215, Ташкентская область, Кибрайский район, ул. Университетская, д. 2
hurshida_70@mail.ru

Транскрипция регилируется различными малыми РНК, такими как малые интерферирующие РНК (siRNAs) и микроРНК (miRNAs), а также активностью факторов транскрипции. Факторы транскрипции, часто работающие комплексно, связываются со специфическими геномными последовательностями, облегчая, усиливая или блокируя транскрипцию. Учитывая важность фазы инициации для выхода волокна, ряд исследователей уделили основное внимание определению факторов транскрипции, которые контролируют инициацию. Так было показано, что *GhMYB25*-подобный фактор транскрипции в регуляторном каскаде, контролирующем инициирование волокна, действует синергично с *GhMYB25*. При этом обнаружено, что РНК-интреференция гена *GhMYB25* приводила к 10-20% снижению числа инициалей волокна. А сверхэкспрессия данного гена, напротив, увеличивала количество инициалей на 15-35% без изменения конечной длины волокна, подтверждая предположение, что *GhMYB25* транскрипционный фактор контроллирует инициацию волокна, не затрагивая фазу элонгации.

Кроме того, также были охарактеризованы другие связанные с инициацией гены факторы транскрипции. RAD-подобный *GbRLl* фактор *G. barbadense* (транскрипционный фактор SANT/MYB-типа) наиболее выражен в семяпочках хлопчатника в возрасте -3 и 0 DPA. Сверхэкспрессия данного гена в арабидопсисе вызывала карликовость и отсроченное цветение, подобно эффектам других генов RAD. Фактор *GaHOXl* был изолирован из *G. arboreum* в качестве гомолога гена GLA-BRA2 (GL2) арабидопсиса, необходимого для

клеточного растяжения, ветвления и созревания клеточной стенки в листовых трихомах. *GaHOX1*, член семейства транскрипционных факторов с гомодоменной «лейциновой застежкой» (HD-ZIP) класса IV, экспрессируется во многих тканях *G. arboreum*, но наиболее сильно в эпидермальных клетках семяпочки в возрасте 0 DPA и 1-дневном волокне (1 DPA).

Помимо этого, было обнаружено, что подавление путем РНК-интерференции (RNAi) экпрессии генов GhFLA (фасциклин-подобные гены арабиногалактанового белка) приводит к значительному ингибированию инициации волокна у *G. hirsutum*. При этом с использованием метода иммунного окрашивания также было показано, что у волокна RNAi-растений наблюдалось изменение состава как арабиногалактанового белка, так и клеточной стенки, а также уровней глюкозы, арабинозы и галактозы.

Вместе с тем, анализ пяти различных профилей экспрессии генов показал, что определенные гены экспрессируются в определенной последовательности. Например, ген *GhPDF1* (протодермальный фактор 1, который, возможно, участвует в определении судьбы клеток) высоко экспрессируется в семяпочках в возрасте -3 DPA, тогда как *GhMYB25* экспрессируется при 0 DPA, а затем по мере удлинения волокна на 3 DPA повышалась регуляция других генов, таких как *E6, EF-1* и *RDL1*. Также ряд авторов предполагает, что специфическая конъюгация транскрипционного фактора и его мишени, основанная на совместной экспрессии *GhMYB2* и *GhRDL1* в арабидопсисе, индуцирует образование эктопических трихомы семени и стручка. При этом *GhMYB2* функционировал аналогично гену GL1 арабидопсиса (вовлекается в развитие трихом листьев), а *GhMYB2* таргетировал промотор *GhRDL1*. Взятые вместе, результаты привели к разработке регуляторной модели с участием *GhMYB2, GhMYB25, GhMYB109* и *GhTTGl* в качестве контроллеров последующей транскрипции *GhHOX1* и *GhRDL1*. Данные также предсказали существование хлопкового белка, который функционирует как отрицательный регулятор инициации волокна, аналогичный TRIPTYCHON (TRY) в трихомах арабидопсиса.

УАК ПОПУЛЯЦИЯСИ ОТА-ОНА ГЕНОТИПЛАРИНИ ҚУРҒОҚЧИЛИК ШАРОИТИДА АЙРИМ МОРФО-ХЎЖАЛИК БЕЛГИЛАРИНИ ТАДҚИҚ ЭТИШ

Холмурадова М.М., Тураев О.С., Нормаматов И.С.,
Набиев С.М., Кушанов Ф.Н.

Ўз Р ФА Геномика ва биоинформатика маркази
111215, Ўзбекистон Республикаси, Тошкент вил., Қибрай тум., Университет к. 2-уй
khalmuradova.maftuna@mail.ru

Ғўза генетикаси фундаментал ва амалий тадқиқотларини ривожлантириш ҳамда олинган илмий натижаларни амалиётга кенг миқёсда татбиқ этиш муҳим ахамиятга эга. Ҳозирги пайтда, иқлим ва инсон фаолияти туфайли экологияда бўлаётган ўзгаришлар билан боғлиқ қурғоқчилик биз яшаётган ҳудудга ҳам ўз таъсирини кўрсатмоқда. Шу сабабли қишлоқ хўжалиги экинларининг нафақат серҳосил балки, юқори сифатга эга ва турли экстеримал шароитларга чидамли янги навларини яратиш долзарб ҳисобланади.

Биз, ўз тадқиқотларимизда ғўзада яратилган УАК популяцияси бошланғич намуналарининг қурғоқчиликка шароитида айрим морфо-хўжалик белгиларини тадқиқ этишни мақсад қилдик

Тадқиқот материали сифатида Наманган-77, KK1796, KK1795, L-1000, C-9006, KK1086, Catamarca 811, C-9008, L-N1, L-141, Hapicala-19, 0-030, C-4769, L-45, Занги-Ота, Saenr Pena 85, C-2025, KK-602, SAD-35-11 ва C-417 нав ва нав намуналари олинди.

Тажриба МарказнингМахсус уруғчилик хўжалиги дала тажриба майдонида икки хил суғориш режими оптимал суғориш (1x2x1) ва сув танқислиги (0x1x0) фонида олиб борилди. Намуналарнинг кўсаклар очилиши даврида поядаги умумий ҳосил элементлари аниқланди.

Икки хил суғориш фонида ўстирилган назорат намуналарида ҳосил элементларидан бири ҳисобланган умумий кўсаклар сони бўйича қуйидагича ўзгаришлар кузатилган.

1-расм. Ўрганилаётган ғўза намуналаридаги умумий кўсаклари сони.Олинган натижаларга кўра 20 та намуналар орасидан С-9008, 3-30, С-2025 ва С-417 намуналарида умумий кўсаклар сони ҳар иккала суғориш фонида ҳам деярли тенг бўлган. Бу эса ушбу намуналар қолганларига нисбатан сувсизлик шароитида кўпроқ чидамлиликни намоён этганлигидан далолат беради. Сув танқислиги фонида Наманган-77, KK-1795, KK-1086, Hapicala-19, KK-4769 ва L-45 линияларида умумий кўсаклар сони оптимал суғориш фонидагига нибатан кескин кам эканлиги маълум бўлди. Натижалар мазкур намуналарнинг қолганларига нисбатан сувсизликка чидамлилиги паст эканлигини кўрсатди.

Ота-она намуналаридаги кенг фенотипик хилма-хиллик келгусида улар асосида яратилган УАК популяциясида қурғоқчиликка алоқадор QTLларни идентификация қилишда қимматли манба бўлади.

МИКРОСУВЎТЛАРИНИНГ БИОЛОГИК ФАОЛ МОДДАЛАРИ ТАҲЛИЛИ

Хўжамшукуров Н.А., Абдуллаев Х.О., Абдумаликова Ф.А., Рамазонов Н.Ш.

Ташкентский химико - технологический институт,
100011, г. Ташкент, ул. Навои 32.,
tcti@tcti.uz, tcti_uz@mail.ru

Охирги йилларда микросувўтларини чуқур ўрганилишининг сабаби, инсон эҳтиёжи учун зарур бўлган қимматли компонентларга бой манба бўлганлигидир. Хозирги пайтда сувўтларини кўпайтириш, улардан турли кўринишдаги маҳсулотлар тайёрлаш оммалашиб бормоқда [1].

Тадқиқот ишларимиз давомида маҳаллий *Spirulina platensis* sp.76 штаммини ўстиришнинг оптимал шароитлари ўрганилди, биомассасидан экстракт, фракция ва индивидуал компонентлар ажратиб олинди. Экстракция жараёнини олиб бориш учун эритувчилар: метанол, этанол, хлороформ ва бензиндан фойдаланилди. *Spirulina platensis* sp.76 штаммининг фармацевтика ва биотехнология соҳаси учун зарур биологик фаол моддалари: липиид-пигмент комплекси ва унинг ёғсизланган биомассанинг қуйидаги компоненлари (%): (оқсил-45-50, углевод-18-20, липид-18-20, кулли элементлар-8-10, витаминлар (мг/кг): B_1 витамин-0.7-1.1, B_2 –витамин-3.4, аскорбин кислота -120-140, β-каротин-3-6, токоферол-2, D-маннит-0.589, хлорофилл-0.625) ажратиб олинди, кимёвий тузилиши ва физик-кимёвий параметрлари намуна билан бир хил эканлиги исботланди.

Гидролизга учраган оқсил қуйидаги таркибида: умумий азот миқдори 10,35%, оқсилли 0,65%, оқсилсиз "эркин" аминокислоталар 60,6%, оқсил қолдиғи 4,1% бўлганлиги кузатилди. Гидролизатланган оқсил аминокислоталари таркиби (%): лизин-4.5, гистидин-1.8, аргинин-6.2, аспарагин кислота-8.2, треонин-1.0, серин- 5.1, глутамин кислота- 8.8, пролин-7.0, глицин-10.2, аланин-27.0%, валин-5.4, метионин-0.6, изолейцин-1.9, лейцин-8.0, тирозин-1.8, фенилаланин-1.79 дан иборат эканлиги аниқланди. Биомассаларнинг кулли элементлари таркибида (%): Mg-20.0; Na-20.0; P-10.0;

K-5.0; Ca-2.0; Mn-1.0; Mg-20.0%; Na-20.2%; P-10.3%; K-5.0%; Ca-2.0%; Mn-1.0% бўлиши аниқланди.

Биомассадан олинган экстракт, фракция, индивидуал моддалар ва D-маннитнинг фармакологик тадқиқотлар учун намуналари тайёрланди. Яллиғланишга қарши тадқиқотлар ўтказиш учун хлороформли, этанолли экстрактлари ва индивидуал D-маннитнинг намуналари танлаб олиниб, фармакологлар томонидан яллиғланишга қарши тиббиётда қўлланилаётган “Индометацин” препарати билан фаоллиги таққослаб ўрганилди. Олинган натижаларга кўра, этанолли экстракти 18,3% (доза 50 мг/кг) ва 22,3% (100 мг/кг); хлороформли экстракти 19,7% (50 мг/кг) ва 29,7 (100 мг/кг); D-маннит 8,0% (50 мг/кг) ва 17,7 (100 мг/кг); индометацин 36,4% (10 мг/кг) яллиғланишга қарши фаолликни намоён қилганлиги кузатилди. Тадқиқот натижасида яллиғланишга қарши фаоллик 100 мг/кг дозада хлороформли экстрактида (29,7%) кузатилган, таққосланган препарат индометациндан нисбатан паст, лекин заҳарлилик даражаси индометацин $ЛД_{50}$ 47 мг/кг (оғиз орқали юборилганда), хлороформли экстрактда эса 1200 мг/кг дозада каламушлар ўлими кузатилмади.

Таққосланган препаратдан олинган намунанинг заҳарлилик даражаси камлиги билан устун эканлиги аниқланди.

Хулоса. Юқорида келтирилган илмий-тадқиқот ишлари натижалари ҳамда илмий манбаларда келтирилган хулосаларга асосланган ҳолда маҳаллий шароитда микросувўтларини кенг миқёсда етиштириш ҳамда уларнинг биомассалари асосида фармацевтик дори воситалари ишлаб чиқаришни йўлга қўйиш мақсадга мувофиқдир.

Фойдаланилган адабиётлар

1. Görs M., Schumann R., Hepperle D., Karsten U. Quality analysis of commercial *Chlorella* products used as dietary supplement in human nutrition. J. Appl. Phycol. 2010. vol. 22. - N 3. – P.265-276.

ҒЎЗАНИНГ 16-ХРОМОСОМАСИ АЛМАШТИРИЛГАН РИЛ ПОПУЛЯЦИЯСИДА АГРОНОМИК КЎРСАТКИЧЛАРИНИНГ СТАТИСТИК ТАҲЛИЛИ

Хусенов Н.Н., Макамов А.Х., Тураев О.С., Дарманов М.М.,
Норбеков Ж.К., Хуршут Э.Э.

Ўз Р ФА Геномика ва биоинформатика маркази
111215, Ўзбекистон республикаси, Тошкент вил., Қибрай тум., Университет к. 2-уй
naimhusenov@mail.ru

Ғўзанинг хромосомаси алмаштирилган линиялари ўзида бошқа бир ғўза турларининг (*G.barbadense*) бир жуфт хромосомаси ёки уларнинг бўлакларини тутганлиги билан ўша турга хос белги хусусиятларга эга бўлиб, кўпгина салбий белгилардан холи ҳисобланади.

Шуни инобатга олиб, хромосомаси алмаштирилган CS-B16 линияси билан маҳаллий Ан-Боёвут-2 навини дурагайлаб, қимматли хўжалик белгиларни хариталашда муҳим бўлган рекомбинант инбред линиялар (РИЛ) популяцияси яратилди. Ушбу популяциянинг 50 та линияси, ота-она намуналари ҳамда назорат сифатида Pima 379 линияси олиниб, уларда битта кўсакдаги пахтанинг вазни, тола индекси, тола чиқими ва 1000 та чигит вазни каби агрономик белгилари *"R statistics"* компю дастури ёрдамида таҳлил қилинди.

Олинган таҳлил натижаларига кўра, бир дона кўсакдаги пахтанинг оғирлиги бўйича Ан-Боёвут-2 навида 6,4 гр, CS-B16 линиясида 6.2 гр, Pima 3-79 линияси 3,4 граммни ташкил этган бўсла, РИЛ популациясининг 22 та линияларида 6,6-7,4 граммни ва қолган 28 та линияларида 4,9-6,4 граммни ташкил этди. Тола чиқими бўйича Ан-Боёвут-2 навида 34%, CS-B16 линиясида 36,5%, Pima 379 линиясида 31,4% ташкил этган бўлсада, РИЛ популациясининг 39 та линияларида ушбу кўрсаткич 36-40% ва қолган 11 та линияларида 30-34% ни ташкил этди. РИЛ популациясининг барча линияларида тола индексининг ўртача кўрсаткичи 7,5 граммни ташкил этиб, ота-она ҳамда назорат навга (Ан-Боёвут-2 нави 6,3 гр, CS-B16 линияси 6,7 гр ва Pima 379 линиясида эса 6,8 гр) нисбаттан юқори бўлганлиги кузатилди.

Шунингдек, 1000 дона чигит оғирлиги Ан-Боёвут-2 навида 119 гр, CS-B16 линиясида 121 гр, Pima 379 навида 150 граммни ташкил этган бўсла, РИЛ популациясининг 17 та линияларида 126-146 граммни ва қолган 33 та линияларида 92-123 граммни ташкил этди.

Таҳлил натижаларига кўра шуни хулоса қилиш мумкинки, ота-она намуналарига нисбаттан юқори агрономик кўсаткичларга эга бўлган рекомбинант инбред линиялар малекуляр-генетик ва селекцион тадқиқотларда донор сифатида танлаб олиш, шунингдек, уларнинг генетик хилма-хиллигини хариталашда бошланғиш манбаа сифатида фойдаланиш имкониятини беради.

ГЕНЛАРНИ ПИРАМИДАЛАШ УСУЛИДА ҒЎЗАНИНГ ТОЛА СИФАТИ ВА ФУЗАРИОЗЛИ ВИЛТ КАСАЛЛИГИГА ЧИДАМЛИК ЛОКУСЛАРИНИ БИР ГЕНОТИПГА ЖАМЛАШ

Хусенов Н.Н., Тураев О.С., Норбеков Ж.Қ., Нормаматов И.С., Аллаяров Х.Н., Бойқобилов У.А., Худойқулов С.Х., Шержанова И.К., Кушанов Ф.Н.

Ўз Р ФА Геномика ва биоинформатика маркази
111215, Ўзбекистон республикаси, Тошкент вил., Қибрай тум., Университет к. 2-уй
naimhusenov@mail.ru

Ғўза (*Gossypium* spp.), тўқимачилик саноати учун тола етказиб берувчи муҳим экинлардан бири саналади. Бироқ, уни етиштиришда турли касаллик ва зараркунандалар ҳосилдорликнинг кескин камайишига сабаб бўлади. *Fusarium oxysporum f.sp. vasinfectum* (FOV) тупроқ замбуруғи келтириб чиқарувчи фузариозли сўлиш (вилт) касаллиги туфайли биргина Хитойда йилига 20-30 минг тонна пахта ҳосили нобуд бўлади. Бугунги кунга қадар дунё олимлари томонидан бу касалликка чидамли навларни яратишда қатор селекцион дастурлар ишлаб чиқилган, натижада бир қанча чидамли навлар яратилган бўлишига қарамай, вақт ўтган сари бу навларнинг кўпчилигида чидамлилик даражаси пасайиб бормоқда ёки бутунлай чидамсизга айланмоқда. Ғўзанинг касалликларга чидамлилик хусусиятларини ҳосилдорлик ва тола сифат кўрсаткичлари юқори бўлган навларга интеграция

қилиш бутун дунё ғўза селекцион дастурининг муҳим вазифаларидан ҳисобланади.

Тадқиқотлар учун Марказда “ген-нокаут” ва “маркерларга асосланган селекция” технологиялари асосида яратилган ҳосилдорлиги юқори, эрта пишар ва тола сифати юқори бўлган “Порлоқ” ва “Равнақ” навлари ҳамда Ўзбекистон ғўза гермоплазмаси колекциясидан ўзининг морфобиологик хусусиятлари бўйича фузариозли вилт касаллигига чидамли деб топилган 11 та нав ва линиялар танлаб олинди.

Шунингдек, дунё олимлари томонидан шу кунга фадар QTL ва Ассоциатив Карталаштириш асосида ғўзанинг фузариозли ва вертициллёзли вилт касалликларига чидамлилик белгилари билан генетик бириккан 120 та BNL, CIR, GH, JESPR, NAU SSR маркерлари танлаб олинди. Ўсимлик намуналари барг тўқималаридан “CTAB” усулида геном ДНК ажратилиб, улардан молекуляр тадқиқотларда фойдаланилди. Тадқиқотларда фойдаланилган ДНК маркерлари локусларининг ўсимлик намуналари геномидаги аллель ҳолатини (мавжуд ёки мавжуд эмаслигини) ҳамда улар ўртасидаги ўзаро полиморфизмни аниқлаш мақсадида ПЗР таҳлиллари амалга оширилди. Таҳлил натижаларига кўра 19 та ДНК маркери фузариоз вилт касаллигига чидамли деб топилган 10 та намуналарнинг деярли барчаси билан “Порлоқ” ва “Равнақ” навлари ўртасида юқори полиморфизм намоён этди.

Молекуляр жиҳатдан тасдиқланган (полиморф бўлган) ғўзанинг фузариозли вилт касалликларига чидамли генотиплар донор сифатида реципиент “Порлоқ” ва “Равнақ” навларига дурагайланиб, бир неча комбинациялар [F_1(Равнақ-1xЛ4112-1, Равнақ-1xDPZ 554085, Равнақ-1xPD 648, Равнақ-1xMebane B-1, Равнақ-1xCokers-124, Равнақ-1xLas Brenas 347, Равнақ-2xPD 648, Порлоқ-1xDPZ 554085, Порлоқ-1xPD 648, Порлоқ-2xLas Brenas 347, Порлоқ-2xPD 648, Порлоқ-3xDPZ 554085)] яратилди.

Келажакда, олинган ушбу комбинациянинг F_{2-3} авлод дурагайларида фузариозли вилт касаллигига чидамлилик белгиларини QTL карталаштириш орқали янада ишончли ДНК-маркерларни аниқлаш ҳамда генларни-

пирамидалаш усули орқали фузариозли вилт касаллигига чидамли ва тола сифат юқори янги нав ва линияларни яратиш кўзда тутилган.

АНАТОМО-МОРФОЛОГИЧЕСКОЕ СТРОЕНИЯ ЛИСТЬЕВ *MEDICAGO SATIVA* L. ПРОИЗРАСТАЮЩИХ В РАЗЛИЧНЫХ ЭКОЛОГИЧЕСКИХ УСЛОВИЯХ

Шарипова В.К.

Институт ботаники АН РУз
100125, Узбекистан, г. Ташкент, ул. Дурмон йули, д. 32.
vasila_82@mail.ru

Глобальное изменение климата и различные локальные катаклизмы ставят под угрозу существование видов с узким, часто дизьюнктивным, ареалом. Изменение параметров среды обитания может привести к сокращению и даже исчезновению одних видов и экспансии других. Проблема биоразнообразия в условиях экологического стресса требует изучения и сохранения уникального генофонда растений Узбекистана.

Цель исследования – изучение особенностей структуры листьев Medicago sativa в различных экологических условиях и выявление механизмов адаптации видов к аридным условиям обитания в сравнительном аспекте.

Объектом исследования является Medicago sativa – произрастающий в аридных условиях Устюрта (Восточный чинк) и умеренных условиях Ташкента. Материал собран из 2-х разных местообитаний.

Листья Medicago sativa сложные, тройчатые. Форма листочков продолговато-обратнояйцевидная, длина 2,5 - 3 см, ширина 1,5-2 см, в верхней половине зубчатые, сверху голые, снизу покрыты прижатыми волосками.

Всех образцов листья люцерны имеют сходную, в основных чертах, внутреннюю структуру. Отличительные особенности, связанные с приспособлением растений к разным экологическим условиям, отмечены в структуре эпидермы и характере мезофилла. Лист ксеромезоморфного строения.

Различия в длине и ширине листа *Medicago sativa* в разных

экологических условиях незначительны. Листья всех образцов люцерны имеют сходную, в основных чертах, внутреннюю структуру. Отличительные особенности, связанные с приспособлением растений к разным экологическим условиям, отмечены в структуре эпидермы и характере мезофилла.

Растениям, произрастающим в условиях Устюрта (недостаток влаги, высокая температура и т.д.) характерны, в большей степени, галоксероморфные признаки (утолщенние листа и наружной стенки эпидермы; толстая наружная стенка эпидермы; высокий индекс палисадности, высокие и плотно сомкнутые палисадные паренхимы, полупогруженные устьица, одиноковое число устьиц в адаксиальном и абаксиальном эпидермисе).

У произрастающих в условиях Ташкента у *Medicago sativa* все признаки уменьшены, кроме числа устьиц на 1 мм^2. Несмотря на наличие галоксероморфных признаков растений, у произрастающих в Устюрте имеются некоторые ещё более мезоморфные признаки, как извилистость стенок эпидермальных клеток, меньшее число устьиц, чем у растений произрастающих в Ташкенте.

Таким образом, вид *Medicago sativa* проявлял пластичность в разных экологических условиях. Анатомо-морфологическое строение листа изменяется значительно. При сравнении морфо-анатомического строения листьев вида *Medicago* выделены преобладающие ксероморфные признаки у вида произрастающего в Устюрте.

ТАРГЕТНАЯ ТЕРАПИЯ РАКА ИЛИ АДРЕСНАЯ ДОСТАВКА ЛЕКАРСТВЕННЫХ СРЕДСТВ ОПУХОЛЕВЫМ КЛЕТКАМ НА ОСНОВЕ АПТАМЕРОВ

Юсупбеков А.А., Ибрагимов А.А., Эгамбердиев Д.М., Мадияров Б.Т.

Республиканский Специализированный Научно Практический Медицинский Центр Онкологии и Радиологии МЗ РУз
100174. г. Ташкент, Шайхантаурский район, ул. Фаробий, 383
dr.abr_info@mail.ru

Важнейшей проблемой терапии онкологических заболеваний, в том числе и различных форм рака легкого, наряду с проблемой несвоевременной диагностики, до настоящего времени остается высокая токсичность и низкая эффективность применяемых лекарственных препаратов. В последнее время стали разрабатываться новые способы противоопухолевой терапии, основанные на технологии адресной доставки лекарственных средств к опухолевой мишени. Одним из наиболее актуальных и востребованных технологий адресной доставки, являются искусственные антитела на основе олигонуклеотидов – аптамеры, обеспечивающие избирательную деструкцию опухолевых клеток. Аптамеры так же, как и биологические моноклональные антитела, способны связываться с высокой степенью специфичности с любыми биологическими мишенями, благодаря чему могут быть использованы в качестве средств адресной доставки к клеткам-мишеням. В отличие от моноклональных антител, аптамеры обладают рядом преимуществ, в частности, низкой иммуногенностью, малыми размерами, простотой в хранении и использовании. Выбранный один раз пул аптамеров, можно амплифицировать с помощью ПЦР (полимеразная цепная реакция), определив последовательность аптамера методом секвенирования, можно синтезировать любое их необходимое количество, методом ПЦР. К тому же аптамеры можно химически модифицировать, благодаря чему они приобретают, помимо противоопухолевых, новые свойства, позволяющие использовать их в качестве основы для адресной доставки лекарственных препаратов, например цисплатины в опухолевую мишень. В связи с этим, аптамеры имеют огромный

потенциал как особые векторы, которые могут быть использованы для адресной доставки за счет их высокой специфичности. Так, в 2015 году был описан аптамер, конъюгированный с доксорубицином. Противоопухолевая активность, системного комплекса «аптамер-доксорубицин», была в два раза выше по сравнению самим доксорубицином. Другим примером применения адресной доставки для снижения токсичности могут служить конъюгаты аптамеров на основе платины – цисплатином, карбоплатином и оксалиплатином. По настоящее время, доксорубицин, цисплатин, карбоплатин и оксалиплатин являются важным компонентом химиотерапии рака легкого, но их применение ограничено вследствие серьезных побочных эффектов и быстрой выработки резистентности опухолей. Отмеченные проблемы при применении данной схемы химиотерапии отмечается на ряде онкобольных при мелкоклеточном и немелкоклеточном раке легкого. Поэтому аптамеры, обладая высоким сродством к клеткам-мишеням, могут стать агентами для доставки терапевтических веществ в опухолевые клетки, в результате чего появится возможность сделать терапию более безопасной и эффективной. По литературным источникам, к настоящему времени получены аптамеры, специфичные для опухолевых клеток легкого, поджелудочной железы, толстой кишки, печени, желудка, предстательной железы, молочной железы и глиобластомы. С целью адресной элиминации опухолевых мишеней, на основе этих аптамеров, активно разрабатываются технологии системных комплексов, конъюгантов аптамер-препарат к специфичным противоопухолевым препаратам. В этой связи, нами начаты разработки, подбора и усовершенствуя методов: получения клеточных культур аденокарциномы легкого из после операционного материала; создание модельных животных с опухолями; получение ДНК библиотеки с применением специфических эндонуклеаз; подбора праймеров для синтеза аптамеров методом ПЦР и определения их последовательности методом секвенирования; подбора векторных систем для клонирования аптамеров и методов для получения конъюгантов цисплатины на основе ДНК-аптамеров.

Исходя из всего вышесказанного, преимуществом использования аптамеров в качестве противоопухолевых препаратов является то, что аптамеры, по сравнению с традиционными препаратами, связываются только со своими мишенями и поэтому оказывают свое терапевтическое воздействие адресно. Следовательно, лекарственные препараты на основе аптамеров обладающих высоким сродством к мишеням должны отличаться большей безопасностью и эффективностью. Таким образом, разработка технологии адресной доставки лекарственных средств и создания новых средств терапии – одно из наиболее актуальных и востребованных направлений развития современной персонализированной медицины, и в первую очередь в онкологии.

RHODOTORULA ОИЛАСИГА МАНСУБ АЧИТҚИ ЗАМБУРУҒЛАРИНИНГ СУЮУҚ СУСЛО ОЗУҚА МУХИТИДА КАРОТИНОИДЛАР ТЎПЛАШИНИ ЎРГАНИШ

Юсупов Улуғбек Карим ўғли

Мирзо Улуғбек номидаги Миллий Университитет
100174, Узбекистан, г. Ташкент, ул.Университетская, 4
yusupov.ulugbek.0304@gmail.com

Маълумки, ачитқи биомассаси оқсил, липид, турли витаминлар ва бошқа қимматли моддалар манбаи хисобланади. [1]. Ачитқиларнинг ўсиш тезлиги ва ҳосил бўлган биомасса миқдори штаммнинг физиологик хусусиятларини ва ўстириш шароитларини белгилайди. Бу хусусиятлар микроорганизмларни хаётий фаолигини белгилашда асос бўлиб ҳизмат қилади [2].

Бир қанча витаминларнинг олд бирикмалари бўлиб хисобланадиган каротиноидлар хайвонлар озуқасининг асосий компонентларидан биридир[3]. Шундан келиб чиққан холатда, *Rhodotorula* sp 205 ва *Rhodotorula* sp *614* ачитқиларининг каротиноидлар хосил қилиш хусусиятлари ўрганилди. Ушбу штаммларнинг каротиноидлар ҳосил қилиши 6 кун давомида суюқ сусло озуқа мухитида ўстириш орқали ўрганилди.

Юқоридаги расмлардан шуниси маълум бўлдики, , *Rhodotorula sp 205 ва Rhodotorula sp 614* ачитқиларининг каротиноидлар ҳосил қилиши босқичма-босқич ошиб борди. Энг юқори каротиноидлар ҳосил бўлиши ўстиришнинг 5-

кунида кузатилган. Бунда, *Rhodotorula sp 205* ўзида 2,75(mkg/ml) миқдорда каротиноидлар тутган бўлса, *Rhodotorula sp 614*d эса каротиноидлар миқдори 2,82 (мкг/мл)ни ташкил қилган. Ўстиришнинг кейинги кунларида эса каротиноидлар миқдори туша бошлаган.

ФИТОЭКДИСТЕРОИДЫ РАСТЕНИЯ STACHUS HISSARICA

Юсупова У.Ю.,[1] Шералиев М.М.,[2] Рамазонов Н.Ш.[1]

[1]Институт химии растительных веществ им.акад. С.Ю.Юнусова
АН РУз, 100170, г. Ташкент, пр. Мирзо Улугбек 77. plant-inst@icps.org.uz
[2]Ташкентский химико - технологический институт,
100011, г. Ташкент, ул. Навои 32.
tcti@tcti.uz, tcti_uz@mail.ru

Одним из самых значительных достижений науки последнего времени является разработка технологий использования экдистероидов, синтезирумых растениями, в управлении процессами роста и развития различных организмов [1]. Последнее открытие, добавляя новое содержание к широко известным адаптогенным и иммуно-модулирующим эффектам экдистероид содержащих препаратов в классической, народной и нетрадиционной медицине, еще более поднимают значимость и актуальность их для здоровья человека [2].

Экспериментально доказано, что экдистероиды регулируют деятельность нервной, эндокринной и иммунной систем, обладают анаболической активностью, используются а предоперационном и послеоперационном периодах.

В настоящее время в спортивной и военной медицине широко применяются препараты на основе экдистероидов, как растительного, так и синтетического происхождения, для повышения адаптации при экстремальных психических и физических нагрузках, в чрезвычайных ситуациях, а также для повышения работоспособности.

В результате проведенного поиска экдистероидсодержащих растений среди представителей отечественной флоры удалось показать, что довольно перспективными в этом отношении являются некоторые виды из рода *Stachys*. Так, часто встречающимся видом на территории Средней Азии, в частности в

Ташкентской и Ферганской областях, является *Stachys hissarica* (сем. *Labiatae*).

Предварительная тонкослойная хроматография метанольного экстракта надземной части *Stachus hissarica* показала, что растение содержит, по крайной мере, 4 разных экдистероидов. Высушенную и измельченную надземную часть *Stachus hissarica* экстрагировали 5 раз MeOH. Экстракт концентрировали и разбавляли равным объемом воды. Полученный осадок удаляли фильтрацией, и упаривали MeOH. Водную часть последовательно экстрагировали хлороформом, этилацетатом, затем бутанолом-1. После упаривания растворителей под вакуумом были получены фракции EtOAc и фракции BuOH. Из бутанольной вытяжки метанольного экстракта хроматографическим разделением на колонке с силикагелем были выделены фракции, из которых рехроматографированием, элюируя системами хлороформ-метанол 15:1, 9:1, 4:1, выделили экдистерон и в очищенных фракциях сравнением с подлинными образцами обнаружили α-экдизон и смеси малополярных экдистероидов.

α-экдизон

20-гидроксиэкдистерон

Использованная литература

1.Тимофеев Н.П. / Фитоэкдистероиды: фармакологическое использование и активность // Медицинские науки. – Москва – 2005. Изд.«Спутник» № 4(10). –С. 26-66.

2. Т.Г. Могиленко, О.Н. Денисенко, А.В. Воронков, С.А. Кулешова, В.Н. Одиноков, И.В. Галяутдинов « Изучение адаптогенной антигипоксической активности субстанции 20-Е, выделенной из серпухи пятилистной (Serratula quinqiefolia willd.), культивируемой на северном Кавказе». Журн. Современные проблемы науки и образования. – 2015. №2 (часть 3).

II. ГЕНЕТИКА РАСТЕНИЙ И ЖИВОТНЫХ

ЦИТОЛОГИЧЕСКОЕ ИЗУЧЕНИЕ МЕЖВИДОВЫХ ГИБРИДОВ F_1 С ЗАМЕЩЕНИЯМИ ОТДЕЛЬНЫХ ИДЕНТИФИЦИРОВАННЫХ ХРОМОСОМ ВИДА *GOSSYPIUM BARBADENSE* L.

Бобохужаев Ш У., Санамьян М.Ф.

Национальный Университет Узбекистана им. Мирзо Улугбека, г. Ташкент, Вузгородок, ул. Университетская-4.
bobohujayev@mail.ru

В США использовали моносомные и монотелодисомные линии для создания трех различных серий хромосом-замещенных линий (CS) с участием таких тетраплоидных видов, как *G.barbadense* L., *G.tomentosum* Nutt. ex Seem и *G. mustellium* Miers ex Watt. (Saha et al., 2015).

Как известно, Цитогенетическая коллекция хлопчатника вида *G. hirsutum,* полученная в НУУз, создавалась с помощью облучения пыльцы гамма-лучами и облучения семян тепловыми нейтронами с последующим изучением воспроизводства моносомного состояния в потомстве (Санамьян и др., 2016).

В НУУз проводятся исследования по созданию хромосом-замещенных форм с участием моносомных линий вида *G.hirsutum* L., созданных в единой генотипической среде линии Л-458 (Санамьян и др., 2000), и линии Pima 3-79 вида *G.barbadense*, являющейся удвоенным гаплоидом и генетическим стандартом для этого вида хлопчатника в США (Endrizzi et al., 1985).

В результате изучения мейоза на стадии метафаза I у гибридов F_1, полученных от скрещиваний 15 моносомных линий с линией донором - Pima 3-79 вида *G. barbadense* L., было обнаружено 25 бивалентов и один унивалент разного размера (Sanamyan et al., 2016). Причем некоторых вариант скрещиваний было выявлено по несколько гибридных моносомиков.

В варианте скрещивания F_1(Mo16x3-79) был обнаружен один гибридный моносомик с замещением по хромосоме **2.** Проведенный анализ тетрад и фертильности пыльцы выявил высокий (97,73±0,40%) мейотический индекс

(Mi) и небольшое число тетрад с микроядрами (1,17±0,29%), также снижение фертильности до 79,13±1,39%.

В 7 гибридных комбинациях F_1(Mo7x3-79, Mo38x3-79, Mo58x3-79, Mo59x3-79, Mo60x3-79, Mo69x3-79 и Mo75x3-79) было выявлено 17 моносомиков с унивалентами среднего размера, ранее идентифицированных как хромосома **4.** Анализ тетрад, проведенный у 11 гибридных моносомиков, выявил высокий мейотический индекс и низкий процент тетрад с микроядрами (до 1,18±0,31%). Кроме того, у изученных гибридных моносомиков наблюдалась высокая фертильность пыльцы, за исключением двух гибридов с небольшим снижением до 72,24±2,17%.

В трех гибридных вариантах F_1(Mo34x3-79, Mo92x3-79 и Mo95x3-79) было выявлено 8 гибридных моносомиков с замещением по хромосоме **6** с унивалентом крупного размера. Из 8 гибридных моносомиков только у трех был проведен анализ спорад, который обнаружил высокий мейотический индекс (до 97,76±0,46%), а также небольшой % тетрад с микроядрами (до 1,86±0,22%). Кроме того, у 4 гибридных моносомиков была выявлена сниженная фертильность пыльцы (от 87,76±1,33 до 71,34±1,28%).

В варианте F_1(Mo27x3-79) гибридный моносомик с замещением по хромосоме **7** характеризовался высоким Mi (95,31±0,50%) и низким числом тетрад с микроядрами (0,51±0,17%).

В другом варианте скрещивания F_1(Mo48x3-79) был обнаружен один гибридный моносомик с замещением по хромосоме **18**, который характеризовался мелким размером унивалента, высоким мейотическим индексом (98,14±0,19%) и сниженной фертильностью пыльцы (70,75±2,07%).

В комбинации F_1(Mo17x3-79) был определен один гибридный моносомик с замещением по хромосоме 20 или 22. У этого гибридного моносомика был выявлен высокий мейотический индекс (99,27±0,20%) и низкий % тетрад с микроядрами (0,28±0,13%).

Таким образом, в результате цитогенетического анализа моносомных гибридов F_1 с замещениями отдельных хромосом была обнаружена

нормальная для моносомика конъюгация, высокий мейотический индекс и высокая фертильность пыльцы, за исключением 4 вариантов. На основе полученных данных можно утверждать, что все изученные гибридные моносомики с замещениями по хромосомам 2, 4, 6, 7, 18 и 20 или 22 могут использоваться для создания хромосом–замещенных линий, которые являются генетическим инструментом для передачи полезных генов в культирвируемые сорта хлопчатника.

ҚОЯ АРЧАСИНИНГ (*JUNIPERUS SCOPOLURUM*) ИСТИҚБОЛЛИ НАВЛАРИ СЕЛЕКЦИЯСИ

Эргашева И., Холмуротов М.

Тошкент давлат аграр университети
Тошкент-140, Университет кўчаси 2-уй.
mxolmurotov@gmail.com

Қоя арчаси (*Juniperus scopolurum*) Арча (*Juniperus*) туркуми, Сарвдошлар оиласига (*Cupressaceae*) мансуб доим яшил ўсимликдир. Табиатда бу ўсимликни табиий ҳолда Канадада (Жанубий-ғарбий Алберт провинциясида ва Британия Колумбиясида), АҚШ да (Техаснинг ғарб томонларида, Орегона штати ва Жанубий Аризонада) ҳамда жанубий Мекцикада тарқалган.

Бу арча тури денгиз сатҳидан 1200-2700 метр баландикдаги тошлоқ грунтли тоғларда ўсади. Туркумдаги бошқа арча турларига нисбатан кам маданийлаштирилган. Финландияда устунсимон ёки шунга ўхшаш шакллари ўзини яхши ҳис қилиши билан ажралиб туради ва ўстирилади. Уларнинг совуққа чидамлилиги ҳали яхши ўрганилмаган Финландияда жуда кенг тарқалган кўриниш жиҳатдан Sky rocket”, Juniperus virginiana “Sky rocket” номи билан ҳам машхур.

Виргин арчасига яқин новдалари ингичкароқ қаттиқ эмас, аниқ кўринмайдиган тўрт қиррали. Кариотип 2n = 22.

Juniperus scopolorum, баъзи минтақаларда *Juniperus virginianna* ва *Juniperus horizontal* билан гибридланади. Америка селекционер олимларининг

машаққатли меҳнатлари эвазига боғбонлар ўртасида машхурдир. Унинг қуйидаги навлари энг кўп фойдаланилади:

'Skyrocket'. Кенг тарқалган ингичка устунсимон шакл ҳисобланади. Шохлари йўғон. Нозик куртаклар юқорига бир-бирига зич ёпишган ҳолатда вертикал равишда кўтарилади. Асосан игнабарглари қипиқсимон, кумушсимон кўк-яшил. 10 ёшли бўлганда 2,5 м баландлик, шох-шаббасининг қалинлиги 0,3 м гача бўлган кўрсаткични ташкил этади. Якуний баландлиги 6 м атрофида. Куртакларни нобуд қилувчи замбуруғли касаликларга таъсирчан ҳисобланади. Зарарланган куртакларни кесиб олиб ёқиб ташлаш керак.

’Blue Angel’ Ингичка устунсимон шакл 'Skyrocket' навига ўхшаш, лекин игнабарглари кўкиш-кумушроқ рангда.

’Blue Angel’ (syn.: *Juniperus virginiana* ’Blue Arrow’). Ингичка устунсимон шаклли. Баландлиги 1,5-2,5 м, тана диаметри 0,1-0.5 м. Қулай шароитда 10 ёшли бўлганда 3 м баландликка эга бўлади. Игнабарглари нинасимон ва қипиқли, кўк-яшил кумушранг тусли. Бу шакл AGM (Royal Horticultural Society) совринини олган. ’Skyrocket’ шаклидан фарқи унинг шохлари қисқароқ бўлиб, қалин қор остида эгилиб қолмайди. Игнабаргларга текканда ўзига хос ҳид таратади.

’Colorado Green’ (syn.: ’Cologreen’) Яшил ибнабаргли пирамидал шакл. 10 ёшлигида 3 м баландлик ҳамда 1 м гача диаметрни эгаллайди.

'Moffat Blue' (syn.: 'Moffettii'). Кенг пирамидасимон зич шох–шаббали. Игнабарглари кўк –яшил. 10 ёшли бўлганда 3 м баландликка 1 м энликка эга бўлади. Максимал кўрсаткичи: 6×1,3 м. Нам иқлим минтақали шароитга тавсия этилмайди. Совуққа ўртача чидамли.

'Moonglow Variegated'. Шакли конуссимон. Баландлиги 3 м дан 5 метргача. Игнабарглари турли хил мовий-яшил-кулранг тусли. Совуққа чидамли эмас.

Қоя арчаси ни кўпайтириш ёш илдиз бачкилари, қаламча ёки пайвандлаш йўли билан амалга оширилади. Қаламчалар баҳорда тайёрланади. Бунинг учун ярим ёғоч юқори шохлардан тайёрланади. Айнан олинган ярим ёғочли

қаламчада куртак ўси чиқиши лозим. Иссиқ хонада илдиз оттирилади. илдиз отганда сўнг уни тажриба майдонига ўтқазилади. Қаламча олинган ўсимликнинг шакли ва ёшига қараб илдиз отиши 1,5-6 ойни ўз ичига олади. 3-6 ёшгача кўчатзорнинг парваришлаш бўлимида ўстирилади.

Илдиз бачкисидан кўпайтиришда фақат осилиб ўсувчи шакли тўғри келади. Шохнинг ёғочлик қавати нинабарглардан тозалаймиз ва олдиндан тайёрланган чуқурликдаги тупроққа муштахкамланади. 6-12 ойдан сўнг улар бутунлай илдиз билан қопланади. Илдиз отган бачкиларни она бутадан ажратиб, қоронғуроқ тажриба майдончасига ўрқазилади.

ГЕНОТИП СПОРТСМЕНА И ЕГО ВЗАИМОСВЯЗЬ ПОВЕДЕНЧЕСКИМ КОМПОНЕНТОМ МОДЕЛИ ЛИЧНОСТИ

Мавлянов И.Р., Юлчиев С.Т.

Республиканский научно-практический центр спортивной медицины
100027, Узбекистан, г. Ташкент, ул. Алмазар, 6
rnpssm@gmail.com

Цель исследования: Изучение частоты распределения генотипов гена α-актинина (ACTN3) у футболистов и их взаимосвязи с типами темперамента.

Материалы и методы исследования. RR, XX и RX генотипы гена ACTN3 изучали у 186 спортсменов-футболистов клубов страны. Выделение ДНК из цельной крови осуществлялось общепринятой методикой и генотипирование образцов ДНК по изучаемым генам проводили методом ПЦР в режиме реального времени.

Для оценки поведенческого компонента модели личности 732 футболиста использован «Личностный опросник Г. Айзенка (EPI)». С помощью этого опросника была оценена темперамент футболиста. Оценку результатов проводили с использованием соответствующих «ключей».

Полученные результаты. Результаты проведенных исследований показали, что у 25,4% футболистов выявлен темперамент сангвиника, у 35,8% футболистов - темперамент холерика, у 18,3% - темперамент флегматика и 20,5% - темперамент меланхолика.

Спортсмены, которым были проведены генетические исследования были разделены на 3 группы по их принадлежности генотипу RR (скоростно-силовые качества), XX (выносливость) и RX (гетерозиготный по скоростно-силовым качествам и выносливости) гена ACTN3. В этих группах по отдельности были изучены частота встречаемости типов темперамента. Выявлено, что у футболистов с генотипом RR, в отличие от футболистов с генотипом XX, преобладает удельный вес сангвиников (почти у половины спортсменов с данным генотипом). В то же время у футболистов с генотипом XX почти одинаково часто встречается все типы темперамента, хотя отмечается некоторая тенденция к преобладанию среди футболистов с наличием данного генотипа сангвиников и меланхоликов. А у футболистов с генотипом RX, наоборот, имеется тенденция к преобладанию удельного веса холериков и флегматиков.

Заключение. Среди футболистов со скоростно-силовыми качествами преобладают сангвиники, а с высокой выносливостью одинаково часто встречаются холерики, сангвиники, флегматики и меланхолики. Если «портрет» сангвиника характеризуется такими качествами как общительность, открытость, разговорчивость, доступность, лидерство и др., то вполне очевидно, что спортсмены, обладающие скоростно-силовыми качествами по темпераменту должны относится сангвиникам или близкому по качествам холерикам. Это предположение подтверждается и тем, что среди нами обследованных футболистов с наличием скоростно-силового генотипа удельный вес холериков и сангвиников в 1,5 раза выше, чем удельный вес флегматиков и меланхоликов. В то же время среди футболистов с наличием генотипа выносливости указанные типы темперамента встречается одинаково часто.

СПОРТИВНЫЕ ГЕНЫ У ФУТБОЛИСТОВ И ИХ ВЗАИМОСВЯЗЬ С ПОКАЗАТЕЛЯМИ ФУНКЦИИ ВНЕШНЕГО ДЫХАНИЯ

Мавлянов И.Р., Махмудов Д.Э.

Республиканский научно-практический центр спортивной медицины
100027, Узбекистан, г. Ташкент, ул. Алмазар, 6
rnpssm@gmail.com

Цель исследования: Изучение частоты встречаемости генотипных вариантов спортивных генов (ACTN3, AMPD1 и Hif 1-a) у футболистов и анализ их ассоциации с показателями функции внешнего дыхания (ФВД).

Материалы и методы исследования. Спортивные гены, в частности α-актинин-3 (ACTN3-ген ответственный за сокращения быстрых мышечных волокон), аденозин монофосфат дезаминаза-1 (AMPD1- ген, кодирующий фермент аденозин монофосфат дезаминазу) и ген, индуцируемый гипоксией (Hif 1-a) и показатели функции внешнего дыхания (ФВД) изучали у 166 спортсменов-футболистов клубов страны. Выделение ДНК из цельной крови осуществлялось общепринятой методикой и генотипирование образцов ДНК по изучаемым генам проводили методом ПЦР в режиме реального времени. ФВД изучали у спортсменов в покое на приборе спирометр “BTL-08 Spyro”. В качестве показателей функции внешнего дыхания использовали форсированный жизненный емкость легких (ФЖЕЛ), объем форсированного выдоха за 1 секунду (ОФВ1), форсированный экспираторный поток при 75%, 50% и 25% жизненной емкости легких (МОС75, МОС50, МОС25), жизненный емкость легких (ЖЕЛ), жизненный емкость легких на вдохе и выдохе (ERV, IVC), максимальная вентиляция легких (МВЛ).

Полученные результаты. Проведенные исследовании показали, что среди обследованных футболистов у 17,5% имело место RR, XX и RX генотипы гена ACTN3 встречались, соответственно 17,5%, 37,3% и 45,2% случаев. Выявлено, что среди футболистов с RR генотипом (скоростно-силовые качества) гена ACTN3, по сравнению с XX генотипом (выносливость)

имело место более высокие значение параметров ФВД как ФЖЕЛ, МОС ср, ERV и IVC.

Среди обследованных футболистов CC и CT генотипы встречались, соответственно 82,3% и 17,7% случаев. Причем среди спортсменов с CC генотипом гена AMPDI наблюдалось сравнительно высокие значение таких параметров как МОС ср, ERV, IVC и МВЛ.

Частота встречаемости CC, TT и CT генотипов гена Hif 1-α имело место, соответственно у 63,6%, 26,5% и 9,9% футболистов. При этом установлено, что у футболистов с CC генотипом, по сравнению с другими генотипными вариантами гена Hif 1-α, значение таких показателей ФВД как МОС50, МОС25, ЖЕЛ, ERV, IVC и МВЛ было сравнительно выше.

Заключение. У футболистов сравнительно реже встречается генотип гена ACTN3 ответственный за скоростно-силовые качества спортсмена, чем за выносливость. В то же время ген AMPD1 преимущественно представлен генотипом ответственный за адекватное энергообеспечение в мышцах. А ген Hif 1-α 2/3 случаях представлен CC генотипом и в ¼ случаях TT генотипом, что указывает на преобладания процессов анаэробного окисления. Между «сильными» генотипами изучаемых генов и такими параметрами ФВД как МОС, ERV, IVC существует прямая зависимость.

ҒЎЗАНИНГ CS-B17 ЛИНИЯСИ ИШТИРОКИДА ЯРАТИЛГАН РИЛ ПОПУЛЯЦИЯСИДА ТОЛА СИФАТ КЎРСАТКИЧЛАРИНИ ҚИЁСИЙ ТАҲЛИЛИ

Макамов А.Х., Воҳидов С.Т., Баратов Н.Б., Қўйсинова Ю.М., Холмурадова М.М., Дуланазаров А.А., Бойқобилов У.А., Буриев З.Т., Абдурахмонов И.Ю.

ЎзР ФА, Геномика ва биоинформатика маркази
111215, Ўзбекистон Республикаси, Тошкент вил., Қибрай тум., Университет кўч., 2 уй.
amakamov@gmail.com

Ўтган бир неча ўн йиллар давомида ўрта толали ғўза навларида тола сифатини яхшилаш ингичка толали ғўза турлари ёрдамида амалга оширилган. Ушбу икки тур ўртасида турлараро дурагайлаш орқали тола сифатини

яхшилаш узоқ вақт ва кўп ишчи кучини талаб этади. Ўзида ингичка толали ғўза турини бир жуфт хромосомаси ёки унинг жуфт бўлакларини тутган хромосомаси алмаштирилган линиялар ўрта толали ғўза навларида тола сифатини яхшилашда долзарб генетик материаллар ҳисобланади.

Ғўзанинг хромосомаси алмаштирилган линиялари (CS-B) TM-1 линиянинг (*G. hirsutum L.*) моносомик формалари асосида яратилган бўлиб, ўзида ингичка толали 3-79 ғўза линиянинг (*G. barbadense L.* тури) бир жуфт хромосомаси ёки унинг жуфт бўлакларига эга ҳисобланади. Шунинг учун CS-B линиялар бир-бирига 96 фоиз ўхшаш, изоген линиялар ҳисобланиб, фақатгина алмаштирилган хромосома ёки унинг бўлаклари билан фарқланади. CS-B линиялар ингичка толали ғўзанинг алоҳида хромосомалари ва унда жойлашган генларни морфобиологик белгилар ўзгаришига таъсирини ўрганишда муҳим ҳисобланади. CS-B линиялар алмаштирилган хромосомалар таъсирида ўзининг бошланғич манбаси бўлган TM-1 линиядан сифат ва миқдорий белгилари бўйича фарқланади. Хусусан, 17-хромосомаси алмаштирилган CS-B17 линияда тола микронейри (толанинг майинлиги ва пишиб етилганлик даражаси) ва унинг чўзилувчанлик кўрсаткичлари ингичка толали 3-79 ғўза линиясига яқин бўлиб, TM-1 линиядан кескин фарқ қилади. Ушбу ижобий хусусиятларни инобатга олиб, мазкур линия билан маҳаллий Ан-Боявут-2 ғўза навини дурагайлаб, тола сифати бўйича кенг сегрегацияланувчи рекомбинант инбред линиялар (РИЛ) популяцияси яратилди. Мазкур мақолада РИЛ популяцияси билан унинг ота-она генотиплари ҳамда назорат линиялари ўртасида тола микронейри ва чўзилувчанлик кўрсаткичларини қийсий таҳлил қилиш мақсад қилинган.

Тадқиқот тажрибасида РИЛ популяциянинг 50та линияси, ота-она ва назорат линиялар иштирок этиб, улар уч метрли алоҳида кўчатзорларда ўрганилди. Толанинг сифат параметрлари тола сифатини сертификатлаш “СИФАТ” марказида анализ қилинди. Унга кўра, CS-B17 линияда тола микронейри 4.4 ва чўзилувчанлиги 8.6%, маҳаллий Ан-Боявут-2 ғўза навида 4.8 ва 7.5% бўлса, РИЛ популяцияда эса ушбу белгилар ўртача 4.6 ва 8.3%га

тенг бўлди. Шунингдек, назорат ўрта толали ТМ-1 ғўза линиясида тола микронейри ва чўзилувчанлиги белгилари 5.1 ва 7.8% кўрсаткичга эга бўлса, ингичка толали 3-79 ғўза линиясида 4.3 ва 9.1% кўрсаткични намоён этди. Ушбу кўрсаткичлардан кўриниб турибдики, CS-B17 линиянинг инигчка толали ғўза туридан алмаштирилган 17-хромосомаси РИЛ популяциянинг умумий ўртача тола микронейри ва тола чўзилувчанлигига ижобий таъсир этган бўлиб, популяциянинг 42% линияларида тола микронейри ўртача 4.3га ва 66% линияларда эса тола чўзилувчанлиги 8.1% тенг бўлди. Популяциянинг тола микронейри ва чўзилувчанлиги бўйича олинган ўртача кўрсаткичлари реципиент Ан-Боявут-2 ғўза навига нисбатан белгиларга мувофиқ тарзда 4 ва 8% га яхшиланганлиги кузатилди. Мазкур натижа CS-B17 линияда тола сифатига алоқадор фойдали генларни мавжуд эканлигини кўрсатади.

Хулоса ўрнида хромосомаси алмаштирилган CS-B17 линия РИЛ популяция генотипларида ўрганилган тола сифати белгиларини яхшиланишига ижобий таъсир этган.

ҒЎЗАНИНГ МУРАККАБ ТУРЛАРАРО ЧАТИШТИРИБ ОЛИНГАН ДУРАГАЙЛАРИДА АЙРИМ ЦИТОГЕНЕТИК ТАҲЛИЛЛАР.

Матякубов С.К.[1],Санамян М.Ф.[2], Намазов Ш.Э.[1], Бобохужаев Ш.У.[2]

[1]Пахта селекцияси уруғчилиги етиштириш ва агротехнологиялари илмий тадқиқот институти, Кибрай тумани, Университет кўчаси, 1-уй.
suxrob_qsxv@mail.ru

[2]Мирзо Улуғбек номидаги Ўзбекистон Миллий Университети

Маълумки, бугунги кунда жахон пахта толасини ишлаб чикаришнинг 90% *Gossypium hirsutum* L., га турига тегишли. Атроф мухитнинг ўзгарувчанлиги, патогенларнинг янги турлари пайдо бўлиши, шуниндек пахта сифатига бўлган талаблар билан бир қаторда янги иқтисодий самарадорли юқори бўлган навларни яратишга кўзда тутилмоқда. Ҳашоротлар тамонидан яъни касалликларни пайдо бўлиши шунингдек Ўзбекистон шароитида экологик ахволнинг ёмонлашуви, аввало ғўза ўсимликининг янги

касалликларга ва зараркурандаларга чидамли, ноқулай шароитларга чидамлмлиги билан ҳосилдор ва тола сифати яхши навларни Ўзбекистоннинг иқлимий шароитларига мос вакилларини таълаб етади [Намазов Ш.Э. 2014]. Шунга кўра, кенг тармоқли изланишларга асосан маданий ва ёввойи вакилларда дурагайлаш ва генетик ўзгарувчанликни ўрганиш олиб борилмоқда [Абдуллаев А.А. 1966]. Маълумки *Gossypium* L., авлоди кўп турларни ўз ичига олади, 8та геном гурухига бўлингани ҳолда диплоид турлар (А дан Г гача ва К) (2n=26) ва бошқа тетроплоид турлар (AD) (4n=52) уларнинг ўзи беш турдан иборат [Абдуллаев А.А. 1974].

Маълумки, турлараро мураккаб дурагайлашда қийин чатишувчанлик, олинган дурагайларнинг чигитларини тўла етилмаганлиги, авлодларида пуштсизлик аломатларини пайдо бўлиш сабаблари қаторига чанг доначаларини ўлчам ва сифатларининг кескин ўзгарувчанлиги ҳам киради. Шунга эътиборан, чанг доначаларининг сифати ва ҳаётчанлиги дурагай ўсимликларининг пуштсизлик ва маҳсулдорлигини аниқловчи энг муҳим омиллардан бири эканлиги таъкидлаб ўтилган [Арутюнова Л.Г. 1960; Абдуллаев А.А. 1978; 1987]. Келтирилган маълумотларда турлараро дурагайларнинг чанг доначалари наслий ва функционаллик белгилари билан мос бўлмаганлиги учун мейоз жараёнида турли нуқсонлар пайдо бўлиши оқибатида чанг доначалари етилмасдан қолиб, ҳосил бўлган муртаклар тўкилиб кетиши аниқланган [Арутюнова Л.Г. 1970; Лазарева О.Н. 1976; 1979].

Ҳозирги кунда Пахта селекцияси уруғчилиги етиштириш агротехнологиялари илмий тадқиқот институтида турли ҳилдаги навлар ва тизмаларни чатиштириш натижасида олинган дурагайлар устида ЎзМУ илмий ходимлари билан ҳамкорликда цитогенетик тадқиқотларни олиб борилди. Ғўзанинг бошланғич шакиллари 19 та нав ва тизимлар ҳамда улардан олинган 17 та F_1 дурагайларида ацетокармин ёрдамида чанг доналарни бўялиши натижасида чангчиларнинг пуштлиги таҳлили ўтказилди. Ғўзанининг 2 та F_1 дурагай варианти ўсимликларида чангчиларнинг пуштилиги пастлиги

аниқланди. Қолган 15 та тажриба варианти ўсимликларида чангчиларнинг пуштлийлиги юқорилиги кўзатилди.

Биринчи авлод дурагайларида 15 та дурагай авлодда юқори пуштлилик даражаси аниқланиб (90,80 ± 0,77% дан 97,40 ± 0,44% гача), иккита дурагай авлодда F_1(F_{16} К-58 тип арб х Султон) ва F_1(Л-588 х Султон) пуштлилик даражаси пастлиги билан ажралиб турди (80,47 ± 1,27% дан 89,24 ± 1,06% гача). Лекин юқори пуштлилик даражасига ега бўлган биринчи авлод дурагайлари стандарт билан (С-6524) таққосланганда стандартга нисбатан фақат учта дурагай камбинацияларда яхши кўрсаткичлар кузатилди. Жумладан С-6524 ни пуштлилик даражаси (96,78 ± 0,51%) ташкил этган бўлса, ушбу дурагайларда F_1(Л-95 х Султон), F_1(Л-95 х Султон) ва F_1(Л-200 х Султон) пуштлилик даражасига юқорилиги кузатилди (дан 96,84 ± 0,51%, гача 97,40 ± 0,44%).

Шундай қилиб, биринчи авлод дурагайларнинг цитогенетик тадқиқотлар натижасида айрим дурагайларда пушлиги пастлиги кузатилди бу шундан далолат берадики бошланғич ота-оналарнинг келиб чиқишида турли ёввойи турлар катнашганлиги таъсирини кўриш мумкин.

“ПОРЛОҚ-3” ҒЎЗА НАВИ УРУҒЧИЛИГИДА ХЎЖАЛИК ҚИММАТЛИ БЕЛГИЛАРИНИНГ ВАРИАЦИОН ТАҲЛИЛИ

Мирзоёқубов К.Э., Маманазаров Ш.И., Муҳаммадов Й.А., Норбобоева Р.Б.

ЎзР ФА Геномика ва биоинформатика маркази.
111215, Ўзбекистон, Тошкент вилояти, Кибрай т-н., Университет кўчаси, 2 уй.
norboboeva2015@mail.ru

Ғўзанинг тезпишар, серҳосил, тола чиқими ва сифати юқори, касалиллик ва зараркунандаларга, шўрга, сувсизликка чидамли, морфологик жихатдан бир хил бўлган янги навларни яратиш, сифатли уруғлик материалларини танлаб олиш ва ишлаб чиқаришга тадбиқ этиш селекционер олимлар олдида турган мухим масалалардан биридир. Уруғчилик деганда юқори сифатли уруғлик яратишда амалга ошириладиган тадбирлар тушунилади. Уруғ эса қишлоқ

хўжалиги ишлаб чиқаришида энг муҳим хусусиятлардан биридир. Ғўза ҳосилдорлиги ва унинг сифати кўп жиҳатдан нав ва экиладиган уруғларнинг сифатига боғлиқ. Уруғчиликда бошланғич махсус тадбирлар қатъий туриб амалга оширилгандагина юқори сифатли навдор уруғлар етиштириш мумкин.

Ишлаб чиқаришда навнинг морфологик жихатдан бир хил, навдорлиги ва қимматли хўжалик белгилари юқори бўлган элита уруғлигини тайёрлаш кўп мехнат талаб қилади. Ғўза ўсимликларининг битта кўсакда очилган пахта оғирлиги ва унинг асосини ташкил этувчи чигитлар вазни навнинг ҳосилдорлигини белгиловчи асосий кўрсатгичлар жумласиги киради. Шунинг учун ғўза навларини ҳосилдорлиги, бир туп ўсимликдаги ўртача очилган кўсаклар сони, оғирлиги ва улардаги чигитларнинг вазни билан белгиланади. Навнинг элита ўсимликлари уруғ кўпайтириш кўчатзорида битта кўсакда очилган пахта оғирлиги вариацияси қонуниятларини кенгроқ ўрганиш учун Б.А.Доспеховнинг Дала тажрибалари услубиятида таклиф этилган катта танлам асосида битта кўсакда очилган пахта оғирлигининг статистик вариацион таҳлили амалга оширилди. Битта кўсакда очилган пахта оғирлиги бўйича кузатувлар натижасида олинган маълумотлар шуни кўрсатдики, Геномика ва биоинформатика маркази илмий тадқиқотчилари томонидан “ген-нокаут” усули ёрдамида яратилган “Порлоқ-3” ғўза нави биринчи йил уруғ кўпайтириш кўчатзорида морфо-биологик белгиларига мос келувчи, соғлом оилалардан 78 та намуналар танланди ва тўлиқ пишиб етилган чаноқдаги пахталари териб олинди. Териб олинган наъмуналар лаборатория шароитида сараланиб, чигитининг туклилиги, ранги ва шакли бўйича навнинг морфо-биологик навдорлик белгиларига мос келмаган намуналар яроқсиз деб топилди. Натижада, 78 та наъмунада 74 тасида битта кўсакда очилган пахта оғирлиги статистик вариацион таҳлил қилинди. Олинган статистик вариацион таҳлил натижалари шуни кўрсатдики, битта кўсакда очилган пахта оғирлиги бўйича 74 та намуна, 6 та вариацион синфни ташкил этди (1-жадвал). 1-жадвал

“Порлоқ-3” ғўза навининг битта кўсакда очилган пахта оғирлиги вариацияси

№	Синфлар	1	2	3	4	5	6
1	Синфлар чегараси, г.	4.3-4.7	4.8-5.2	5.3-5.7	5.8-6.2	6.3-6.7	6.8-7.2
2	Синфлар ўртачаси, г.	4.5	5.0	5.5	6.0	6.5	7.0
3	Намуналар сони, дона	6	24	25	12	6	1

Жадвалда келтирилган маълумотлардан кўриниб турибдики, битта чаноқдаги пахта оғирлиги бўйича учраш эхтимоли энг кўп бўлган намуналарнинг ўртача қиймати 5,3 г. ва 5,4 г. вазнга эга бўлди. Чунки вариацион таҳлил натижаси 95% кузатиш эхтимолида умумий ўртача интервали 5,3±5,4 г. оралиғида эканлиги аниқланди. Бунда, намуналар ўртачасининг абсолют хатоси 0,06 г. ни, нисбий хатоси 1,1% ни, чаноқ вазнидаги тафовут (вариация) коэффициенти 10% ни ташкил этди. “Порлоқ-3” ғўза навининг биринчи йил уруғ кўпайтириш кўчатзори ўсимликликларида битта кўсакда очилган пахта оғирлиги бўйича аҳамиятли ўзгарувчанликлар мавжуд. “Порлоқ-3” ғўза нави уруғларини кўпайтиришда навнинг ҳосилдорлик бўйича барқарорлигини сақлаш хамда уруғчилиги самарадорлигини оширишда бир дона чаноқдаги пахта оғирлиги 5,3-5,4 граммга эга намуналардаги чигитларидан фойдаланиш мақсадга мувофиқ.

ҒЎЗАНИНГ 14-ХРОМОСОМАСИГА (CS-B14SH) ХОС БЎЛГАН РИЛ ПОПУЛЯЦИЯСИДА АГРОНОМИК КЎРСАТКИЧЛАРНИ БАҲОЛАШ

Муҳаммадов Й.А., Маманазаров Ш.И., Мирзаёқубов К.Э., Макамов А.Х.,Тураев О.С., Хусенов Н.Н., Буриев З.Т., Абдурахмонов И.Ю.

Ўз Р ФА Геномика ва биоинформатика маркази
111215, Ўзбекистон республикаси, Тошкент вил., Қибрай тум., Университет к. 2-уй
yuldoshbekmukhammadov@mail.ru

Ғўза, асосан толаси учун етиштириладиган экин ҳисобланади. Шу сабабли, тола сифати ва ҳосилдорлиги юқори бўлган ғўза навларини яратиш олимлар олдида турган долзарб вазифалардан бири ҳисобланади.

Бугунги кунга келиб, анъанавий ғўза селекцияси жараёнларига молекуляр биологиянинг замонавий воситалари хусусан, ДНК-маркерлар технологиясини (маркерларга асосланган селекция - МАС) қўллаш, вақт ва ҳаражатларни сезиларли даражада қисқартириш имконини бермоқда. МАС дастурини амалга ошириш учун энг аввало, қимматли хўжалик белгиларга генетик бириккан ДНК-маркерларини идентификация қилиш лозим. Бунинг учун кенг генетик хилма-хилликка эга бўлган хариталаштириладиган популяциялар зарурдир. Мазкур мақолада ўзида ингичка толали ғўза (*G.barbadense*) турининг 14-хромосома кичик жуфт елкаларини тутган хромосомаси алмаштирилган CS-B14sh линия ва маҳаллий Ан-Боявут-2 нави ҳамда улар иштирокида яратилган рекомбинант инбред линиялар (РИЛ) популяцияси тадқиқот объекти сифатида олинди. Тадқиқотнинг мақсади ғўзанинг РИЛ популяциясида агрономик белгилларни (бир дона кўсакдаги пахтанинг оғирлиги, толанинг штапель узунлиги, тола чиқими, тола индекси ва 1000 дона чигит оғирлиги) ота-она генотиплари билан қиёсий баҳолашдан иборат.

Пима ғўзанинг 14-хромосомасига хос бўлган РИЛ популяцияси хромосомаси алмаштирилган CS-B14sh линия билан маҳаллий Ан-Боявут-2 ғўза навини дурагайлашидан олинган ҳар бир иккинчи авлод ўсимликларни олтинчи авлодга қадар ягона аждод уруғдан келиб чиқиш усули асосида ўз-ўзига чанглантириш йўли билан яратилган. РИЛ популяциянинг ҳар бир индивидларида ингичка толали ғўза 3-79 линиясидан алмаштирилган 14-хромосоманинг кичик елкаси маҳаллий навнинг тегишли хромосомаси билан бир нечта авлод давомида рекомбинацияланиши натижасида гомозиготалашган шаклга келган. Популяция индивидларининг ушбу хусусияти уларда морфологик, агрономик ва тола сифати белгиларини хилма-хил бўлишини таъминлайди.

Мазкур РИЛ популяцияси 50та линиядан иборат бўлиб, ҳар бир линия ва ота-она генотипларининг уруғлари аоҳида уч метрли кўчатзорларга экиб, ўргинилда ҳамда ушбу тадқиқот объектларида агрономик белгиларни ўрганиш учун уларнинг ҳар биридан 50 дона кўсакдаги пахта ҳосили йиғиб олинди.

Йиғиб олинган пахта намуналарида бир дона кўсакдаги пахтанинг оғирлиги, толанинг штапель узунлиги, тола чиқими, тола индекси ва 1000 дона чигит оғирлиги каби агрономик белгилари баҳоланди.

Таҳлил натижасига кўра, РИЛ популяцияси ҳамда уларнинг ота-она намуналари Ан-Боявут-2 нави ҳамда CS-B14sh линиясида бир дона кўсакдаги пахтанинг вазни мос равишда 5,8, 6,4 ва 4,4 граммни ташкил этди. Ушбу белги бўйича РИЛ популяциясида кенг хилма-хиллик кузатилиб, 4,2 граммдан 7,7 граммгача бўлган ўзгарувчанликни ташкил этди. Бироқ, РИЛ популяциянинг ўнга яқин РИЛларида бир дона кўсакдаги пахтанинг оғирлиги ўртача 7,0 граммни ташкил этган. Шунингдек, РИЛ популяциясида 1000 та чигит вазнининг ўртача кўрсаткичи 122 граммни ташкил этиб, ота-она намуналари Ан-Боявут-2 нави (109 гр) ва CS-B14sh линия (114 гр) кўрсаткичларидан юқори бўлган. Бундан ташқари, РИЛ популяциясида тола чиқими белгисининг ўртача 34%га тенг бўлиб, ушбу кўрсаткич CS-B14sh линиянинг тола чиқими кўрсаткичидан юқори ва Ан-Боявут-2 навини тегишли белгисига (34.9%) яқин бўлди. Шу билан бирга, РИЛ популяция генотиплари орасида тола чиқими кўрсаткичи 38-41%га тенг бўлган ва ота-она намуналарига нисбатан сезиларли даражада яхшиланган линиялар ҳам мавжуд. Толанинг штапель узунлиги белгиси бўйича ҳам РИЛ популяциясида кенг хилма-хиллик кузатилиб, 34,2 дан 38,2 миллиметргача бўлган вариацияни намоён этди. РИЛ популяциясида ўртача 35,4 мм.га тенг бўлган толанинг штапель узунлиги кўрсаткичи реципиент Ан-Боявут-2 навининг тола узунлиги (29.8 мм) кўрсаткичига нисбатан сезиларли даражада юқори бўлиб, популяцияни яратилишида оталик шакли сифатида фойдаланилган CS-B14sh линиясининг тола узунлигига яқинлашган. Хусусан, РИЛ популяциянинг L-13 ва L-40 линияларида битта кўсакдаги пахта вазни, 1000 та чигит вазни ва толанинг штапель узунлиги кўрсаткичлари юқори бўлган бўлса, L-03, L-04, L-12, L-21 ва L-43 линияларда тола чиқими ҳамда L-06, L-17, L-18, L-23 ва L-26 линияларда 1000 та чигит вазни ота-она ҳамда популяциянинг бошқа генотипларига нисбатан энг юқори кўрсаткичларни намоён этган.

Тадқиқот натижалари шуни кўрсатдики, РИЛ популяциясида ўрганилган бир нечта агрономик белгиларнинг ўртача кўрсаткичлари 14-хромосомаси алмаштирилган CS-B14sh линияга нисбатан яхшиланган. Агрономик белгилари такомиллашган линиялар келажакда янги ғўза навларини яратишда қимматли манба бўлиб хизмат қилади.

РОЛЬ МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИХ МЕТОДОВ В ПОСТРОЕНИИ ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКОЙ СИСТЕМЫ ЭВКАРИОТНЫХ ОРГАНИЗМОВ

Мирабдуллаев И.М.[1], Абдулов И.А.[2]

[1]Ташкентский государственный аграрный университет
Узбекистан, 100140, Ташкентская область, Кибрайский район, ул. Университетская, 2
imirabdullayev@umail.uz

[2]Национальный университет Узбекистана им. Мирзы Улугбека
Узбекистан, 100174 Ташкент, ул. Университетская, 4

Если раньше в основу построения системы ложили сходство и уровень сложности строения организмов, то в последние десятилетия биологическая систематика стала фактически полностью филогенетической – учитывает только родство организмов. Просто сходство (отчасти приобретаемое в результате конвергентной или параллельной эволюции) современная биологическая систематика практически не использует.

Прогресс филогенетики, как и любой науки, связан с техническими достижениями. Начиная с 1960-х гг. с внедрением в биологические исследования ультраструктурных методов с помощью электронного микроскопа, началась перестройка системы низших эукариот – протистов (простейших и водорослей). Одни прежние таксоны разделялись, и объединялись с другими.

Со второй половины 1980-х гг. в систематику начали внедряться молекулярные методы – сравнение последовательностей генов рРНК и некоторых белков (сравнительная геномика). Молекулярные признаки многочисленны, их легко формализовать, а обработку автоматизировать,

многие бесспорно гомологичны во всех типах или даже у животных и бактерий.

Методология последних достижений достаточно характерна: первую скрипку тут играет молекулярная филогенетика – сравнение последовательностей рибосомных РНК и десятков достаточно универсальных белков (тубулины, актины и др.) и конструирование по ним с помощью компьютерных программ «филогенетических древ». Для дальнейшего осмысления и обоснования, выявленных таким образом филогенетических ветвей затем привлекаются ультраструктурные и биохимические данные.

Вкратце охарактеризуем выделяемые супертаксоны.

1. **Opisthokonta** (заднежгутиковые) включают животных, грибов, микроспоридий, Ichthyosporea, воротничковых жгутиконосцев Choanoflagellata.

2. **Excavata** представлены, главным образом, 2 группами – Discicristata (эвгленовые, трипаносомы, акразиевые и др.) и Polymastigota (лямблия и др.).

3. **Archaeplastida** объединяют одноклеточные, колониальные и многоклеточные растительные формы: глаукофитовые, красные, зеленые и харовые водоросли, а также происшедшие от последних высшие растения.

4. **Amoebozoa** (амебоидные) – одноклеточные и синцитиальные фаготрофные протисты: голые и раковинные амебы, миксомицеты Mycetozoa.

5. **Stramenopiles** («волосожгутиковые») – многоклеточные бурые, одноклеточные диатомовые, золотистые, желто-зеленые, хлоромонадовые водоросли, грибоподобные оомицеты, гифохитриевые, лабиринтулы, бесцветные жгутиковые опалиниды и Bicosoecida, солнечники Actinophriida.

6. **Alveolata** включают фоторофных, фаготрофных и паразитических динофлагеллят, инфузорий, паразитических споровиков Apicomplexa, фаготрофных жгутиконосцев Perkinsida и Colponemida, и фототрофных жгутиконосцев Chromomerida.

7. **Rhizaria** (корненожки) включают в основном амебоидных синцитиальных протистов: фораменифер, радиолярий, раковинных амеб

Euglyphida, амебофлагелят Cercomonada, грибоподобных Plasmodiophoracea, споровиков Haplosporidia и фототрофных амебоидов Chlorarachniophyta.

Stramenopiles, Alveolata и **Rhizaria** объединяются в супергруппу **SAR**.

Как видим, благодаря, главным образом, молекулярным и ультраструктурным исследованиям, наши представления о системе и родственных отношениях эукариот стремительно и кардинально меняются. Пожалуй, современное состояние в мегасистематике живого можно охарактеризовать не столько как «революция», а как «катастрофа». Но, в любом случае, последние достижения биологии являются настоящим прорывом в нашем глубинном понимании биоразнообразия планеты Земля.

ИНГИЧКА ТОЛАЛИ ҒЎЗА НАВЛАРИНИНГ F_1 АВЛОДИДА “БИТТА ЎСИМЛИКДАГИ КЎСАКЛАР СОНИ” БЕЛГИСИНИНГ ИРСИЙЛАНИШИ ВА НАВЛАРНИНГ КОМБИНАЦИОН ҚОБИЛИЯТИ.

Набиев С.М.,Чоршанбиев Н.Э.,Хамдуллаев Н.Э.

ЎзР ФА Генетика ва ўсимликлар экспериментал биологияси институти
111226 Ўзбекистон,Тошкент вил., Қибрай тум. Юқори-юз қўрғони

Тадқиқот объекти сифатида *G. barbadense* L. турига мансуб маҳаллий Сурхон-9, Термиз-32, Дуру-Гавхар, Бухоро-7, Сурхон-10 ғўза навлари ҳамда уларнинг навлараро F_1 ўсимликларидан фойдаланилди.Тажрибалар асосида олинган натижалар Б.А. Доспехов (1985) услубида статистик ишловдан ўтказилди.УКҚ самараси Гриффинг (Griffing, 1956) методидан фойдаланиб аниқланди.

Ўрганилган ғўза навлари орасида кўсаклар сони Сурхон-9 ва Термиз-32 навларида энг кўп (25,8 донадан), Дуру гавхар навида эса энг кам (20,8 дона) бўлди. F_1 ўсимликларида энг кўп кўсак тўплаган ўсимликлар F_1 Сурхон10хСурхон-9, F_1 Сурхон10хТермиз-32 ва F_1 Сурхон10хДуру гавхар комбинацияларида (мос равишда 38,8; 33,2; 31,1 дона) қайд этилди. Бундан ташқари, қуйидаги F_1 комбинацияларида ҳам белги кўрсаткичи юқори бўлди:

F_1Термиз-32хСурхон-10 – 32,6 дона, F_1Сурхон-9хТермиз-32 – 32,0 дона, F_1Дуру гавхар х Сурхон-9 – 31,7 дона, F_1Дуру гавхар х Термиз-32 – 29,6 дона, F_1Бухоро-7хСурхон-9 – 29,1 дона, F_1Дуру гавхархСурхон-10 – 28,9 дона. Қуйидаги комбинациялар ўсимликларида эса кўсаклар сони кам эканлиги аниқланди: F_1Бухоро-7хДуру гавхар-20,8; F_1Бухоро-7хСурхон-10-22,4 дона ва F_1 Сурхон-9хДуру гавхар-22,5 дона.

Ушбу белги 20 та F_1 комбинацияларидан 15 тасида ижобий ўта устунлик, 1 та комбинацияда паст кўрсаткичли навнинг тўлиқ устунлиги, 1 та комбинацияда юқори кўрсаткичли навнинг тўлиқ устунлиги, 2 тасида юқори кўрсаткичли навнинг тўлиқсиз устунлиги, 1 комбинацияда паст кўрсаткичли навнинг тўлиқсиз устунлиги ҳолатида ирсийланди. Шундай қилиб, битта ўсимликдаги кўсаклар сони белгиси F_1 комбинацияларида асосан, ижобий гетерозисли ўта устунлик ҳолатида ирсийланди. Сурхон-9 навининг Термиз-32, Дуру гавхар, Бухоро-7 ва Сурхон-10 навлари билан; Термиз-32 навининг Дуру гавхар нави билан; Дуру гавхар навини Бухоро-7 ва Сурхон-10 навлари билан ва Бухоро-7 навини Сурхон-10 нави билан чатиштириб олинган тўғри ва тескари F_1 комбинацияларида белги кўрсаткичи бўйича ўзаро фарқ борлиги аниқланди. Бу ҳолат битта ўсимликдаги кўсаклар сони белгисининг ирсий бошқарилишида ядровий генлар билан бир қаторда цитоплазматик генлар ҳам иштирок этишини кўрсатади.

Олинган рақамли кўрсаткичларнинг статистик дисперсион таҳлили бўйича таҳлил 11 та комбинацияда белги бўйича гетерозис самараси борлигини ва бунда гетерозис даражаси Дуру гавхархБухоро-7 комбинациясида 110,3% дан Сурхон-10хСурхон-9 комбинациясида 150,4% гачани ташкил этишини кўрсатди. Гетерозиснинг юқори даражаси F_1 Сурхон-10хДуру гавхар (142,7%), F_1 Дуру гавхархСурхон-10 (132,6%), F_1 Сурхон-10хТермиз-32 (128,7%) ва F_1 Термиз-32хСурхон-10 (126,4%) комбинацияларида қайд этилди.

Битта ўсимликдаги кўсаклар сони бўйича навларнинг УККнинг юқори ижобий самарасига Термиз-32 нави ($\hat{g}_i$=3,05), нисбатан паст самарасига Сурхон-9 ($\hat{g}_i$=0,22) навлари эга бўлдилар.

Шундай қилиб, тадқиқотларимиз Термиз-32 навидан битта ўсимликдаги кўсаклар сони кўп бўлган навларни яратишда донор сифатида фойдаланиш мумкинлигини кўрсатди.

Навларнинг УКК смараси ва ЎКК вариансалари таққосланганда, Сурхон-9, Дуру гавхар ва Сурхон-10 навларида белгининг назоратида ($y^2_{si}>y^2_{gi}$) ноаддитив генлар таъсири муҳим рол бажариши, Термиз-32 ва Бухоро-7 навларида эса белги аддитив генлар ($y^2_{si}<y^2_{gi}$) таъсирида бошқарилиши аниқланди.Олиб борган кўп йиллик тадқиқотларимиз натижасида ингичка толали янги тезпишар ҳосилдор “Марварид”нави яратилиб,2018 йилдан Давлат нав синаш шаҳобчаларида синалмоқда.

G.HIRSUTUM L. ТУРИ НАВ НАМУНАЛАРИНИНГ СУВ ТАНҚИСЛИГИГА БАРДОШЛИЛИГИНИ ЎРГАНИШДА ДУРАГАЙЛАШ МУДДАТЛАРИНИ БЕЛГИЛАШ

Санаев Н.Н.

ЎзР ФА Генетика ва ўсимликлар экспериментал биологияси институти
111226 Ўзбекистон,Тошкент вил., Қибрай тум. Юқори-юз қўрғони.
Sanaev.nor@yandex.ru

Ғўзанинг сув танқислигига бардошлилигини ошириш муаммосини ечиш йўлларидан бири, унинг ушбу шароитларга мослашиш имкониятларини кенгайтириш, яъни қурғоқчиликка чидамли навларни яратишда генотип ва ташқи шароит омилларининг боғлиқлигини ўрганиш, унинг генетик хусусиятиларининг механизмларини очиб бериш лозим бўлади [1]. Бунда ноқулай ташқи омиллар таъсирида бўлган турлича белги ва хусусиятларга эга ғўза ўсимликлари устида дурагайлаш олиб бориш катта аҳамият касб этади.

Сув танқислиги шароитида ғўзанинг ҳосил шохлари – симподиал шохларининг тип ва кенжа типлари қимматли хўжалик аҳамиятига эга

белгилар қаторига кириб, унинг ирсийланиш ва ривожланишининг қонуниятларини ўрганиш ўта муҳим ҳисобланади.

Тадқиқотлар 2014-2016 йиллар давомида Институтимизнинг “Дурмон” тажриба базасида олиб борилди. Сув танқислигига турлича чидамли бўлган ва морфологик белгилари бўйича бир-биридан фарқланувчи *G.hirsutum* L. турига мансуб ўрта толали 10 та ғўза навлари (Навбаҳор-2, Гулбаҳор-2, АН-Баёвут-2, Тошкент-6, Бухоро-6, Омад, Армуғон-2, Нурафшон, Илғор ва Келажак) ўзаро реципрок чатиштириш орқали олинган 81 та дурагай комбинациялар ота-она шакллари билан ёнма-ён экилиб, улар устида фенологик кузатишлар олиб борилди. Кузатишлар давомида уларининг ҳосил шохларининг типларига эътибор қаратилган ҳолда, $Ғ_1$ дурагай комбинациялар устида $Ғ_в$ беккросс чатиштириш олиб борилди.

Тажрибада ғўза ҳосил шохлари бўйича яққол фарқланиш июл ойининг учинчи ўн кунлигига тўғри келганлиги учун чатиштириш ишларини 25.07.2015 дан 11.08.2015 гача муддатларда олиб борилди. $Ғ_в$ беккросс чатиштириш учун 162 та комбинация ва ҳар бир комбинация учун 5 тадан гул чатиштирилди. Лекин, 2015 йилнинг июл ойи охирларида кузатилган ҳаво хароратининг юқори (42°С дан юқори) ва ҳаводаги намликнинг пасайиб кетиши (10 % дан ҳам паст) натижасида $Ғ_в$ беккросс чатиштиришнинг атига 136 та дурагай кўсакларни олишга тўғри келинди.

2016 йилда $Ғ_в$ беккросс чатиштиришдан олинган барча дурагай кўсаклар пахтаси ва чигити бўйича хўжалик белгилар ўрганилиб, ҳар бир дурагай кўсакдан олинган чигитлар 6 та уяларга алоҳида қаторларга экиб чиқилди ва уларнинг унувчанлиги аниқланди.

Экилгандан сўнг бир ҳафтадан кейинги унувчанлиги бўйича кузатув натижаларига кўра дурагай комбинацияларнинг фақат 20 таси (14,71%), 12 кундан сўнг 93 таси (68,38%), ундан тўлиқ униб чиққанлари 35 та (37,64%) ни ташкил этди. Айниқса унувчанлиги энг юқори даражада $Ғ_в$(Гулбахор-2 х Армуғон-2) х Гулбахор-2; $Ғ_в$(Келажак х Навбахор-2) х Келажак; $Ғ_в$(Навбахор-

2 х АН-Боёвут-2) х Навбахор-2; $F_в$(Навбахор-2 х Армуғон-2) х Армуғон-2 дурагай комбинацияларда кузатилди.

Дурагай чигитларининг унувчанлигининг паст бўлганлигини таҳлил қилиб чиқилганда унинг чатиштириш саналарига эътибор қаратилди, бунда август ойининг бешинчисидан кейин чатиштириб олинган 22 та дурагай комбинациянинг 18 таси униб чиқмади, қолган 4та дурагай комбинациядан ҳам 1-2 та уядан биттадан чигит униб чиқди. Июл ойининг 25 дан 30 гача олиб борилган чатиштириш натижасида олинган дурагай кўсакларининг 80-90% чигити униб чиқди.

Хулоса қилиб шуни айтиш мумкинки, ғўзанинг сув танқислигига чидамлилигини ўрганиш бўйича олиб бориладиган чатиштириш ишларини август ойига қолдирмасдан амалга ошириш керак бўлади.

Фойданилган адабиётлар

1. Санаев Н.Н., Юнусхонов Ш. Ғўзанинг турлараро дурагайлаш асосида олинган биотипларида сув танқислигига чидамлилиги/ O'zbekiston Respublikasi Fanlar akademiyasining ma'ruzalari.-Тошкент, №6.2016. – 92-95 Б.

РАСШИРЕНИЕ ВОЗМОЖНОСТЕЙ ИДЕНТИФИКАЦИИ ОТДЕЛЬНЫХ ХРОМОСОМ ХЛОПЧАТНИКА С ПОМОЩЬЮ МЕТОДОВ ЦИТОГЕНЕТИЧЕСКОГО И МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКОГО АНАЛИЗА

Санамьян М.Ф., Бобохужаев Ш.У.

Национальный университет Узбекистана,
Ташкент, Вузгородок, Университетская -4, Биологический факультет.
sanam_marina@rambler.ru

Как известно, использование транслокационных линий тестерного набора, полученных в США, и молекулярно-генетических маркеров, разработанных в Институте геномики и биоинформатики АН РУз, позволяет проводить унифицированную идентификацию унивалентных хромосом у моносомных линий Цитогенетической хлопчатника НУУз. Осуществление такой параллельной работы на протяжении ряда последних лет позволило достичь определенных успехов. Так, анализ коньюгации хромосом у гибридных

моносомиков, полученных от скрещивания моносомных линий (НУУз) с транслокационными линиями (США) выявил 35 вариантов, у которых были обнаружены общие хромосомы.

Так, в пяти скрещиваниях моносомной линии Mo11 была обнаружена конъюгация в виде 24 бивалентов и одного тривалента, указавшая на гомологичность моносомы и одной из хромосом в обмене. Поскольку во все транслокации (**TT2L-3Lb, TT2R-3La, TT2R-8Ra, TT2R-8Rb, TT2R-14R**), участвовавших в пяти скрещиваниях, была вовлечена одна общая хромосома 2, можно утверждать, что унивалентная хромосома у линии Mo11 является хромосомой 2 At –субгенома хлопчатника.

Схожая ситуация наблюдалась при изучении гибридных моносомиков при скрещивании моносомных линий Mo16 и Mo19, где в четырех и пяти вариантах скрещиваний, соответственно, была обнаружена конъюгация в виде 24 бивалентов и одного тривалента. Так как в транслокациях, участвовавших в скрещиваниях, всех изученных девяти гибридных вариантов была вовлечена хромосома 2, можно утверждать, что унивалентная хромосома у линий Mo16 и Mo19 является хромосомой 2 At –субгенома хлопчатника.

Моносомные линии Mo31, Mo70, Mo72 и Mo75 в двух вариантах скрещиваний – с линиями **TT4L-19R** и **TT4R-15L** имели конъюгацию в виде 24 бивалентов и одного тривалента, что указало на гомологичность моносомы у этих линий с одной из хромосом в обменах. Так как в две транслокационные линии была вовлечена одна общая хромосома 4, можно утверждать, что унивалентные хромосомы у линий Mo31, Mo70, Mo72 и Mo75 являются хромосомой 4 At –субгенома хлопчатника.

Другие пять моносомных линий – Mo7, Mo60, Mo69, Mo71 и Mo73 имели общие хромосомы с одной из двух линий **TT4L-19R** и **TT4R-15L**, включивших хромосому 4. Поскольку, ранее проведенное молекулярно-генетическое исследование указало на нехватку по хромосоме 4, можно утверждать, что моносомы у всех этих линий - гомологичны хромосоме 4 At –субгенома.

При изучении моносомных линий Mo13 и Mo67 в трех и одном, соответственно, вариантах скрещиваний была обнаружена конъюгация в виде 24 бивалентов и одного тривалента, Поскольку в транслокации у всех транслокационных линий (**TT3L-6L, TT6L-7L, TT6L-10R**) была вовлечена одна общая хромосома 6, можно утверждать, что унивалентная хромосома у линий Mo13 и Mo67 является хромосомой 6 At –субгенома хлопчатника. Последнее было подтверждено молекулярно-генетическим анализом.

Изучение моносомных гибридов с участием линии Mo27 обнаружило в четырех вариантах скрещиваний - **Mo27xTT1L-7L, Mo27xTT7L-12R, Mo27xTT7R-11R и Mo27xTT7R-21R** конъюгацию в виде 24 бивалентов и одного тривалента, что указало на гомологичность моносомы и хромосомы 7, поскольку в четыре транслокационные линии была вовлечена одна общая хромосома 7 At –субгенома хлопчатника, однако молекулярно-генетические исследования не смогли подтвердить эти данные. Кроме того, несоответствие цитогенетических и молекулярно-генетических результатов наблюдалось также при изучении линий Mo79 и Mo90. Причины такого несоответствия требуют дальнейшего изучения.

PHYLOGENETIC ANALYSIS OF THE 16S rRNA GENE OF NODULE BACTERIA STRAINS SOYABEAN

Umarov Bakhtiyor

Center of Genomics and bioinformatics AS RUz
111215, Uzbekistan, Kibray district, University str. 2
b.r.umarov@mail.ru

Legumes are an important component of all agricultural legume systems because of the nitrogen fixation provided by their bacterial symbionts, the rhizobia. The successful spread of legume crops depends critically on the availability of compatible rhizobia. The nature of the symbiosis was first understood at the end of the 19th century, and since then a number of crops have been introduced to new areas with the help of rhizobial inoculants.

The Categorization, nomenclature and identification are an interconnected area to taxonomies. The Categorization realizes distribution an organism on taxonomic group in accordance with their resemblance. The Nomenclature gives the taxonomic group of the name in accordance with international rule. The identification - a process of the determination that, in what from revealed earlier groups enters new isolate.

All new isolates of *Bradyrhizobium japonicum* and *Sinorhizobium fredee* were obtained from the root nodules of *Glysine max growing* in the different regions of Tashkent district were growing soybean. All bacteria were subcultured in YMA medium (Vincent, 1970) and were used for growing the bacteria and for harvesting the cells. DNAs were isolated and purified by the method described by Marmur (1961). DNA base composition was determined spectrophotometrically as described by De Ley (1970).

16S rRNA gene sequencing was obtained using universal primers 1070f (59-ACGGGCGGTGTGTAC-39) and 1392r (59-CGCCCGCCGCGCCCCG CGCCCGGCCCGCCGCCCCCGCCCC-ACGGGCGGTGTGTAC-39). Each PCR mixture contained the following: 10 pmol each primer, 200 μM dNTPs, 1U Tag DNA polymerase, 100-200 ng genomic DNA and Taq polymerase buffer in a final reaction volume of 50 μl. The DNA thermal cycler used for PCR amplification was programmed as follows: an initial extensive denaturation step at 94°C for 5 min; 30 cycles of 94°C for 1 min, 53°C for 1 min and 72°C for 1.5 min; and a final extension step at 72°C for 10 min. PCR-amplified 16S rRNA gene from isolates with size 302-343-bp were sequenced. Alignment of the sequences obtained and related sequences from the GenBank database were performed using the RDP program (Maidak *et al*., 1999). The method of Jukes & Cantor (1969) was used to calculate the distances among the aligned sequences.

Sequence analysis of 16S rRNA gene were shared 99,2% 16S rRNA gene sequence similarity with of *Rhizobial* strains. Results of BLAST-analysis for sequence of 16S rRNA gene of bacteria showed that studied bacteria were related to *Alphaproteobacteria* and *Betaproteobacteria* classes. The nucleotide sequence of

16S rRNA gene of T-1, T-2,T-3,T-4 strains matched by 96-99,7% together with analogous genes of *Bradyrhizobium japonicum sp;* the sum of genes of T-4,T-5, bacteria were identical by 89-97% to nucleotide sequences another nodule bacteria genes. On phylogenetic tree the studied bacteria could be grouped into 4 clusters. It may conclude from obtained results that nucleotide sequences of 16S rRNA gene of studied bacteria that were highly identical between themselves within group and also bacteria isolated from each correspondent leguminous host plant were related to both *Alpha* class and *Betaproteobacteria* class.

The Result of such feature are a taxonomic schemes, which, at least once, in some cases, reflect natural evolution relations. The Benchmark analysis DNA and gene products (molecular system) can be used for development of phylogenetic systems to categorizations. The Taxonomy there is theory and practice to categorizations of the different groups, used for integer of the identifications.

ПРИЧИНЫ ДОЛГОЛЕТИЯ

Шукруллозода Р.Ш.

Самаркандский Государственный Университет,
факультет биологии и химии,направление биологии
140104 ,Узбекистан,г.Самарканд. Факультет биологии.Ул.Шохрух Мирзо.

Изучение продолжительности жизни человека на научной основе впервые было начато в XVII веке английским астрономом Эдмундом Галлеем. Кривые смертности их отличаются только временной характеристикой. У человека значительная часть смертей наступает независимо от возраста. У. Мейкем в 1860 году. Данные, опубликованные ООН, о средней продолжительности предстоящей жизни в странах Западной Европы в середине нашего века показали, что наиболее высокая средняя продолжительность жизни отмечается в Нидерландах, Швеции, Швейцарии. Существенное значение в механизмах, определяющих различную продолжительность жизни, имеют особенности генетического аппарата. Хромосомы - нитевидные, сложно организованные структуры,

расположенные в клеточном ядре. В них заключены факторы наследственности - гены. У самцов и самок существуют различия в наборе хромосом. Фактор пола локализован в специальных X- и Y- хромосомах. В животном мире самки имеют две одинаковые (XX) хромосомы, у самца - две неодинаковые хромосомы (XY) или же одна половая хромосома (XO). Подобная ситуация и у человека. Можно предполагать, что различие в структуре хромосом в какой-то мере генетически предопределяет некоторые биологические возможности различных полов. Наличие двух хромосом X у женщин, по-видимому, увеличивает надежность определенных механизмов в течение жизни. Существует предположение, что с добавочной хромосомой, отсутствующей у мужчин, связана большая надежность работы генетического аппарата у женщин, их жизнеспособность, большая продолжительность жизни.

С давних времён якуты отличаются долголетием. Об этом говорят литературные источники. Журнал "Северный архив" (Санкт-Петербург) в июле 1822 года сообщал: "Якуты долголетни и одарены крепким сложением; столетних старцев между ними находится множество. Они весьма трудолюбивы".

По переписи 1970 года в Якутской АССР проживало 664123 человека. Из них якутов 285749 человек, русских 314308, украинцев - 20253, эвенков - 9097, эвенов - 6471. Итоги переписи показали, что подавляющее число долгожителей (людей 90 лет и старше) приходится на коренное население.

Многими учеными и мною были определены факторы, от которых зависят здоровье и долголетие. К ним относятся: труд, приносящий удовлетворение; наличие жизненной цели; двигательная активность; соблюдение режима дня и гигиена отдыха; рациональное питание; нормальный сон; гигиена быта;

Нельзя забывать, что все же на долголетие огромное влияет наследственность или так называемые теломеры, которые постепенно сокращаются и хромосома утрачивает свои концевые участки. В

Узбекистане, особенно в горных местностях легко найти таких людей. У всех моих долгожителей при беседе с ними было обнаружено, что обычно их беспокоит повышенное давление. Эти люди активно участвуют во многих делах, касающих меня.

ОТЗЫВЧИВОСТЬ НЕКОТОРЫХ СОРТОВ И ОБРАЗЦОВ ГЕРМПЛАЗМЫ ХЛОПЧАТНИКА К ПРЕДПОСЕВНОЙ ЗАКАЛКЕ СЕМЯН НА РАЗЛИЧНЫЙ РЕЖИМ ПОЛИВА

Юнусханов Ш.

Институт генетики и экспериментальной биологии растений АН РУз,
111226, Таш. обл., Кибрайский р-он, п/о Юкори-Юз, Узбекистан
yushavkat@mail.ru

Существует множество рекомендаций относительно предпосевной подготовки семян и методов стимуляции их прорастания. Установлено положительное влияние на семена предпосевного замачивания в растворах различных солей и химических соединений с последующим высушиванием. Такая обработка повышала в дальнейшем процессы роста и развития растений в различных агроэкологических условиях. Также было показано, что засухоустойчивость сельскохозяйственных растений повышается в результате предпосевного закаливания. Адаптация к обезвоживанию происходит в семенах, которые перед посевом после однократного намачивания вновь высушиваются. В ИГиЭБР АН РУз в течении ряда лет проведены исследования по изучению влияния предпосевной закалки семян на некоторые хозяйственно-ценные признаки хлопчатника в нормальном и ограниченном режимах полива. Были изучены образцы гермплазмы ИГиЭБР АН РУз и сорта хлопчатника АН-Баяут-2, Бухоро-6, С-6024, Омад, Ташкент-6. Закаливание проводились путем замочки семян в водопроводной воде при комнатной температуре в течении 24 час. с последующим высушиванием наклюнувшихся семян в открытом воздухе. Опыты были проведены на экспериментальных полях Института в поселке Дурмен Кибрайского района и экспериментальном поле Института в Занги-атинском районе Ташкентской области. При ограниченном режиме полива в зависимости от

метеорологических условий года полив сокращали от 1,5 до 2 кратно по сравнению с нормальным поливом.

Проведенные исследования по изучению влияния ограниченного режима полива и предпосевной закалки семян на некоторые признаки урожайности хлопчатника показали, что различные сорта и образцы гермплазмы проявляли различную реакцию при различном режиме полива, проявляющуюся на признаках высоты растения и количества коробочек. У отдельных образцов хлопчатника наблюдался при этом увеличение показателей признаков "высота растений" и "количество коробочек", у других уменьшение этих показателей, а некоторые образцы по этим признакам проявили нейтральную реакцию на различные режимы орошения. Образцы А-2323, А-2379 и сорта АН-Баяут-2, Омад, Ташкент-6 проявили высокий показатель, а образцы А-1458, А-2739 и А-3372 низкий показатель высоты растения и количества коробочек при ограниченном поливе. Среди изученных образец А-2323 индийского происхождения после предпосевной закалки семян проявил самые высокие показатели высоты растений и количества коробочек в условиях ограниченного режима полива по сравнению с контрольными растениями. Увеличение количества коробочек у некоторых образцов и сортов хлопчатника при этом было более чем в 2 раза. В режиме ограниченного полива почти у всех изученных образцах и сортов хлопчатника увеличился количество раскрывшихся коробочек по сравнению с их возделыванием при нормальном режиме полива.

Проведенные исследования позволяют сделать заключению о том, что влияние предпосевной закалки семян на различный режим полива имеет сортоспецифичный характер. Коллекционные образцы гермоплазмы А-2739, А-3379 американского, А-2323 индийского и А-3372 болгарского происхождения проявляют положительную реакцию на накопление плодоэлементов в условиях ограниченного полива. Предпосевная закалка семян положительно влияет на рост, развитие и накопление плодоэлементов ряда сортов и образцов хлопчатника.

III. БИОТЕХНОЛОГИЯ

ИСПОЛЬЗОВАНИЕ ТЕХНОЛОГИИ 3D-БИОПРИНТИНГА ДЛЯ ВЫРАЩИВАНИЯ ИСКУСТВЕННЫХ ЧЕЛОВЕЧЕСКИХ ОРГАНОВ.

Акрамова М.Б.

Центр Геномики и биоинформатики АН РУз
111215, Узбекистан, Ташкентская обл., Кибрайский р-н, ул. Университетская, д. 2
info@genomics.uz

3D-биопринтинг это технология создания объёмных моделей на клеточной основе с использованием 3D-печати, при которой сохраняются функции и жизнеспособность клеток. Целью ее является выращивание различных полноценных жизнеспособных биологических органов для человека.

Суть метода заключается в том, что будущий орган формируется из двух основных компонентов: живых клеток и «матрикса», моделирующего условия межклеточной среды и соединительной ткани.

Источником клеток могут стать как донорские, так и собственные стволовые клетки человека, выделенные, например, из жира или костного мозга. Они могут быть превращены в различные типы клеток и тканей под воздействием биологически активных веществ. Главное - создать условия для миграции и роста собственных стволовых клеток человека и формирования ими тканей.

Чтобы сделать из клеток аналог чернил принтера, их помещают в специальный гель, который не позволяет клеткам слипаться раньше времени. Принтер печатает, как правило, не единичными клетками, а их шарообразными скоплениями — сфероидами. Каждый напечатанный слой клеток отделяют слоем геля, а уже готовый орган отправляют дозревать в инкубатор. При этом гель, использованный для печати, растворяется, а внутри органа развивается его сосудистая сеть — от сосудов отрастают тончайшие капилляры.

Нетканые губчатые матрицы для органов делают из биоразрушаемых полимеров молочной и гликолевой кислот, полилактона и других веществ. Большие перспективы и у гелеобразных матриц, в которые, кроме питательных веществ, можно вводить факторы роста и другие индукторы дифференцировки клеток в виде трехмерной мозаики, соответствующей структуре будущего органа. А когда этот орган сформируется, гель бесследно рассасывается. Для создания каркаса также используют полидиметилсилоксан, который можно заселить клетками любой ткани.

Следующий шаг это выстилание внутренней поверхности полимера незрелыми клетками, которые затем образуют стенки кровеносных сосудов. Далее другие клетки желаемой ткани по мере размножения будут замещать биоразлагаемую матрицу. Перспективным считается использование донорского каркаса, определяющего форму и структуру органа.

Пожалуй, нет ни одной биологической ткани, к попыткам синтезирования которой не приступила бы современная наука. Базовая технология выращивания органов, или тканевая инженерия, заключается в использовании эмбриональных стволовых клеток для получения специализированных тканей. Эти клетки затем помещают внутрь структуры соединительной межклеточной ткани, состоящей преимущественно из белка коллагена.

В заключение можно сказать, что самыми сложными органами для 3D-биопринтинга остаются сердце и почки, которые имеют сложную иннервацию и систему кровеносных сосудов.

ФИТОПАТОГЕНЛАРНИНГ МИКРООРГАНИЗМ АНТОГОНИСТЛАРИ

Артикова Р.М., [1] Тураева Д.А.[1] Ибрагимова Н.М.[2]

[1]Тошкент кимё–технология институти
100011, Ўзбекистон, Тошкент, Навоий кўчаси 32-уй.
tkti_info@edu.uz
[2]Ургенч Давлат университети

Ўсимлик ва унинг юзасидаги эпифит микроорганизмлар ўртасида турли туман симбиотик ўзаро алоқалар юзага келади. Микроорганизмлар ўсимликлардан органик моддалар, баъзан эса сув олади, шунинг билан бирга улар ўсимликга фойда (ўзаро симбиоз-мутулизм) ёки зарар (паразитизм), ёки унга деярли фойда ҳам зарар ҳам (озиқасига шерик бўлиш– комменсализм) келтирмайди. Бунинг натижасида эпифит микроорганизмлар ўртасида озиқа манбаи учун конкуренция юзага келади ва соғлом яхши ривожланган ўсимликдаги нормал микрофлора ўзидан антибиотик ажратиш орқали патоген микрофлоранинг ўсишига салбий таъсир кўрсатади. Шунинг учун нормал фойдали микрофлора учун иложи борича олдинроқ жой ишғол қилиш масаласи туради.

Бунга керакли микроорганизм суспензияси билан уруғликни инокуляция қилиш, ниҳолларни ёки ўсимликларга пуркаш ёки кўчириб ўтказишда илдизга ёки тупроқга ишлов бериш орқали эришиш мумкин.

Хозирги кунда фитопатогенларнинг антагонистларининг - бактериал ва замбуруғ препаратлари: *Bacillus subtilis*дан фитоспорин, *Pseudomonas aureofaciens* дан псевдобактерин 2, *Pseudomonas fluorescensдан* планриз, *Streptomyces lavendulae*, *Streptomyces griseusдан* фитолавин, *Trichoderma lignorumдан* триходермин, *Penicillium vermiculatumдан* вермикулен препаратлари олинган ва ўсимликларнинг касалликларига қарши қўлланилиб келинмоқда. Бундай препаратларга ўсимликшуносликда талаб катта, чунки улар таъсирида ўсимликларнинг замбуруғли инфекциялар: фитофтороз, қора оёқ, фузариоз, тунлам ва бошқалар билан касалланиши, шунингдек ҳосилдорликга ва ҳосилнинг сифатига таъсир кўрсатувчи бактериозлар таъсир кўрсатади. Шу билан бирга бу

препаратлар кимёвий фунгицидлар ва бактерицидларга нисбатан экологик ва гигиеник жихатдан хавфсизроқдир.

Маълумки фитопатогенларнинг антагонист микроорганизмлари ўзларидан биологик фаол моддалар (фитогормонлар, витаминлар) ажратиб, бу моддалар ўсимликлар ўсишини стимуллайди, касалланишини олдини олади, бошоқлилар уруғларнинг унишинига ижобий таъсир кўрсатади.

Хозирги кунда донли экинларининг “Илдиз чириши” касаллиги кенг тарқалган касалликлар сирасига киради. Касаллик натижасида ўсимликнинг илдиз тизими зарарланади ва ўсимликнинг нормал ривожланиши ва ўсишига таъсир кўрсатади. Кучли зарарланганлик холатларда 50%гача ҳосил йўқотилиши мумкин.

“Илдиз чириш” касаллигининг кенг тарқалиши юқори даражада зарар келтириши сабабли бу касалликга қарши кураш чораларини ишлаб чиқишни тақозо этади. Адабаиётдан олинган маълумотларга қараганда *Trichoderma* замбуруғи уруғлар билан биргаликда тупроқга солинганда буғдой ўсимлигининг “Илдиз чириш “ касаллиги билан зарарланиши 60–83 % га камайган.

Олиб борилган илмий тадқиқот натижаларига кўра буғдой уруғларини *Trichoderma* туркуми замбуруғлари билан ишлов берилганда тупроқдаги патоген, айниқса илдиз чириш касаллигини келтириб чиқарувчи микрофлоранинг сони камайганлигини ва уруғларнинг униб чиқиши 10-12% ошганлигининг гувохи бўлдик. Шундай қилиб, олиб борилган илмий тадқиқотлар натижасида шундай ҳулосага келиш мумкинки, замбуруғлар дон ўсимликларининг “Илдиз чириш” касалликларига қарши курашда истиқболли воситаларидан биридир. Бу микроорганизмлар тупроқ таркибидаги турли–туман органик субстратларни ўзлаштириш хусусиятларига эга бўлгани учун улар ўсимликлар ризопланида осон яшаши ва кўпайиши мумкин.

КАРТОШКА (*SOLANUM TUBEROSUM L.*) НИНГ ФИТОХРОМ Б ГЕНИ АСОСИДА РНК-ИНТЕРФЕРЕНЦИЯСИ ЁРДАМИДА БИОТЕХНОЛОГИК ЛИНИЯЛАРНИ ОЛИШ

Бабаджанова Ф.И., Буриев З.Т., Убайдуллаева Х.А.

ЎзР ФА Геномика ва биоинформатика маркази.
111215, Ўзбекистон Республикаси, Тошкент вилояти, Қибрай тумани,
Университет кўчаси 2.
f.babadjanova@genomics.uz

Фитохромлар ёруғликни сезувчи оқсиллар оиласи бўлиб, ўсимлик ривожида муҳим бўлган қизил ва узоқ қизил нурларга жавоб беради [Reed J.W. ва бошқ. 1994]. Фитохромлар ўсимлик ҳаёт циклида турли молекуляр ва ҳужайравий жараёнларни назорат қилади ва атроф-муҳим ёруғлигига жавоб берувчи ген экспрессиясини бошқаради. Қизил нурлар таъсирида ҳосил бўлган қисқа пулслар қоронғуликда яшил пигментларнинг йўқолиб қолмаслигига ва уруғкуртак ривожининг бошланишига туртки бўлади. Фитохром генлари кашф этилгандан бери кўпгина ўсимликларда уруғларнинг унишидан гуллашигача бўлган физиологик жараёнларни назорат қилиш маълум бўлди [Brock M.T. ва бошқ. 2010]. Шунингдек гипокотилнинг узайиши, флаваноид ва каротеноид синтезини ҳам ўз ичига олади. Бугунги кунга келиб, кўплаб тадқиқотлар орқали фитохромларнинг молекуляр ва биокимёвий механизмлари ойдинлаша бошлади. Улар ўсимликларга мансуб фоторецептор генлари сифатида ҳанузгача катта қизиқиш билан ўрганилади ва тавсифланади [Аюбов М.С. ва бошқ. 2015].

Картошка (*Solanum tuberosum L.*) навларида *Arabidopsis taliana L.* нинг *PHYB* гени трансформация қилинган. Натижаларга кўра трансген ўсимликларда апикал доминантликларни камайтиришга, кўпроқ кичикроқ аммо қалин баргларнинг қизил пигментланишига олиб келди. Илдиз тизими ва туганаклар сони назоратга нисбатан икки уч баробар ошганлигини кўрсатди, лекин туганакларнинг катталиги назоратга нисбатан кичикроқ бўлган [A.Thiele ва бошқ. 1999]. Шу боисдан, картошканинг қатор агрономик хусусиятлари (ҳосилдорлик, эртапишарлик кабилар)ни яхшилаб қисқа

муддатларда янги биотехнологик навларни яратишга қаратилган бўлиб, картошканинг ягона хужайраси ўсимлик ривожланишини бошқарадиган дерижёр генлардан бири бўлган қизил нур рецептори *PHYB* генини фаолиятини сусайтирувчи (ген-нокаут) генетик конструкция билан трансформацияланди ва ягона хужайрадан тўла ўсимлик олинди. Олинган ўсимликларни молекуляр тахлили учун барг тўқимасидан геном ДНКси СТАВ усулида ажратиб олинди ва ПЗР таҳлили ўтказилди. ПЗР таҳлили киритилган вектор конструкция картошка ўсимлиги геномида мавжуд эканлигини кўрсатди. Ушбу ген-нокаут картошка линиялар микроқаламчаларга бўлиб микро ва макро элементларни ўз ичига олган озуқа муҳитида *in vitro* шароитида ўстирилди. Микрокўпайтиришнинг якуний маҳсули микротуганаклар ҳисобланади. Уруғлик картошка етиштиришда микротуганаклардан фойдаланиш бир қанча афзалликларга эга. Ҳозирги кунда биз олинган янги ген-нокаут картошка микротуганакларини иссиқхона ва дала шароитида тупроққа мослаштириш бўйича тадқиқотларни амалга оширмоқдамиз.

КАРТОШКА *(SOLANUM TUBEROSUM L.)* НИНГ СОМАТИК ЭМБРИОГЕНЕЗ ТЕХНОЛОГИЯСИДА ФОЙДАЛАНИЛАДИГАН ЭКСПЛАНТ ТУРЛАРИ

Бабаджанова Ф.И., Убайдуллаева Х.А. Буриев З.Т., Ахмадалиева М.Ш., Эшмирзаев Ж.Б.

Ўзбекистон Республикаси Фанлар академияси, Геномика ва биоинформатика маркази.
111215, ЎзбекистонРеспубликаси, Тошкент вилояти, Қибрай тумани,
Университет кўчаси 2.
f.babadjanova@genomics.uz

Картошка биотехнологиясида соматик эмбриогенез технологиясидан фойдаланиш бир қанча афзалликларга эга. Соматик эмбриогенезнинг қўлланилиши генетик жиҳатдан яхшиланган навларни яратишда самарали усуллардан бири ҳисобланади. Картошка тўқималарида дастлабки соматик эмбриогенез тадқиқотлари Лам ва Брадж-Аас томонидан олиб борилган. Ушбу тадқиқотлар бошқа олимлар амалга оширган муваффақиятли изланишларига

қадар картошка соматик эмбриогенез инициацияси учун мос келмайдиган материал ҳисобланган (De Garcia ва Martinez, 1995; Litz ва Gary, 1995). ‘Desiree’ картошка навида етилмаган зигота эмбрион кесмалари асосида соматик эмбриогенез тадқиқотлари Pretova ва Dedicova (1992) лар иштирокида олиб борилган бўлиб, бунда соматик эмбриогенез зигота эмбрионларининг котиледон ёки гипокотел эпидермисларида шаклланган.

Соматик эмбрионларни етиштириш учун дала шароитида етиштирилган картошка ўсимлигининг турли эксплантларидан фойдаланилади. Жумладан, туганак диски ва етилмаган зигота эмбрионларидан. Иссиқхона шароитида етиштирилган картошка ўсимлигининг эксплантларидан ҳам соматик эмбрионларни етиштиришда фойдаланилган. Жумладан, поянинг ягона тугун кесимлари, ниҳол меристема учлари ва қирқилган барглардан кенг фойдаланилган (JayaSree T., 2001, ва бошқ.). Биз тадқиқотларимизда асосан *in vitro* шароитда ўстирилган картошка ўсимликларининг эксплантларидан эмбриоидлар ишлаб чиқаришда ва эксплант сифатида ниҳол меристема учлари, поянинг ягона тугун кесимлари, бўғимлар аро поя қирқимлари, барглар, микротуганаклар ва илдизлардан фойдаландик. Соматик эмбриогенез жараёни кетиши учун янги эксплантлардан дастлаб каллус тўқималар ҳосил бўлиши ва каллуслар янги озуқага кўчирилиши керак. Тажриба натижалари эксплант турларига кўра турлича бўлди. Жумладан, туганак ва барг эксплантларидан олинган каллусларнинг юза қисмидаги паренхима ҳужайраларидан узоқ давом этган индукция давридан сўнг эмбриоидлар олинди. Эксплант сифатида олинган илдизлардан каллус ҳосил бўлди лекин эмбриоидлар олинмади. Ниҳол меристема учлари ва поянинг ягона тугун кесимларидан эса тўғридан-тўғри органогенезис орқали ниҳоллар пайдо бўлди. Бўғимлар аро поя қирқимларидан эса билвосита органогенезис орқали яъни, дастлаб каллус тўқималар кейин эмбриоидлар олинди. Олинган эмбриоидларнинг регенерация самарадорлиги юқорида кўрсатилган бошқа эксплантларга қараганда юқори бўлди. Хулоса қилиб айтганда, картошка *(Solanum tuberosum L.)* нинг соматик эмбриогенез технологиясида

фойдаланиладиган эксплант тури сифатида туганак ва барг эксплантлари ҳамда бўғимлар аро поя қирқимларидан фойдаланиш мақсадга мувофиқ эканлиги аниқланди.

ИСПОЛЬЗОВАНИЕ БИОТЕХНОЛОГИИ В ЗАЩИТЕ РАСТЕНИЙ

Бикметова Д.И., Нуриддинов А.Ш., Пратов Ф.Ф, Салахутдинов И.Б.

Центр геномики и биоинформатики АН РУз
111215, Ташкентская обл., Кибрайский район, ул. Университетская, д. 2.
dinara.bikmetova@bk.ru

Развитие биотехнологии в сельском хозяйстве рассматривается как крупная инициатива, которая будет способствовать росту урожая, а также обеспечит значительное развитие сельского хозяйства.

Культурные растения страдают от сорняков, грызунов, насекомых-вредителей, нематод, фитопатогенных грибов, бактерий, вирусов, неблагоприятных погодных и климатических условий. Перечисленные факторы наряду с почвенной эрозией значительно снижают урожайность сельскохозяйственных растений.

Биотехнологические пути защиты растений от рассмотренных вредоносных агентов включают: 1) выведение сортов растений, устойчивых к неблагоприятным факторам; 2) химические средства борьбы (пестициды) с сорняками (гербициды), грызунами (ратициды), насекомыми (инсектициды), нематодами (нематоциды), фитопатогенными грибами (фунгициды), бактериями, вирусами; 3) биологические средства борьбы с вредителями, использование их естественных врагов и паразитов, а также токсических продуктов, образуемых живыми организмами.

Биотехнологию предлагают использовать для выведения азотфиксирующих растений. В природных условиях азотфиксирующие клубеньковые бактерии, представители рода *Rhizobium,* вступают в симбиоз с бобовыми. Комплекс генов азотфиксации *(nif)* из этих или иных бактерий предлагают включить в геном злаковых культур. Планируют модификацию генома *Agrobacterium,* чтобы бактерия могла вступать в симбиоз со злаками и

передавать им генетическую информацию. К компетенции клеточной инженерии относится создание новых азотофиксирующих симбиотических ассоциаций «растений-микроорганизм».

Гены устойчивости к некоторым гербицидам, выделенные из бактерий и дрожжей, были успешно перенесены в растения табака. Разведение устойчивых к гербицидам растений открывает возможность их применения для уничтожения сорняков непосредственно на угодьях, занятых сельскохозяйственными культурами. Проблема состоит, однако, в том, что массивные дозы гербицидов могут оказаться вредными для природных экосистем.

В Австралии из культивируемых *in vitro* клеточных клонов выращивают красные камедные деревья (австралийские эвкалипты), отличающиеся способностью расти на засоленных почвах. Предполагается, что корни этих растений будут выкачивать воду из таких почв и тем самым понижать уровень грунтовых вод. Это приведет к снижению засоленности поверхностных слоев почвы в результате переноса минеральных солей в более глубокие слои с потоками дождевой воды. В Малайзии из клеточного клона получена масличная пальма с повышенной устойчивостью к фитопатогенам и увеличенной способностью к образованию масла (прирост на 20—30%).

Таким образом, биотехнология открывает широкие перспективы в области выведения новых сортов растений, устойчивых к неблагоприятным внешним воздействиям, вредителям, патогенам, не требующих азотных удобрений, отличающихся высокой продуктивностью.

БИОТЕХНОЛОГИЧЕСКИЕ АСПЕКТЫ ПОЛУЧЕНИЯ НАНОЧАСТИЦ СЕРЕБРА И МЕДИ БАКТЕРИЯМИ РОДА *PSEUDOMONAS*

Зайнитдинова Л.И.[1], Вохидова Н.[2], Куканова С.И.[1], Жураева Р.Н.[1]

Институт микробиологии АН РУз[1],

Институт химии и физики полимеров АН РУз[2]
100128, Узбекистан, Ташкент, ул/ А. Кадыри 7б
zajn-lyudmila@yandex.ru

В последние годы идея синтеза неорганических наночастиц продемонстрирована как физическими так химическими методами. Однако, это не умаляет важности биологического синтеза, которому уделяется особое внимание во-всем мире, поскольку химические методы капиталоемки и токсичны. В тоже время, правильное использование потенциала биологических систем от высших растений до микробов дают прекрасные примеры получения наноспецифических материалов, используемых в биотехнологии.

Для изучения процесса биосинтеза наночастиц металлов нами был проведен первичный отбор. Выбор объектов определялся устойчивостью их к различным загрязнениям, в том числе тяжелым металлам, т.к. считается, что способность к образованию наночастиц металлов является защитной функцией микроорганизмов. Первоначально по этому признаку были отобраны микроорганизмы, хранящиеся в лаборатории коллекции промышленно-важных микроорганизмов Института микробиологии АН РУз. В результате проанализированы коллекционные штаммы микроорганизмов, выделенные из засоленных почв и почв, загрязнённых ионами тяжелых металлов и нефтепродуктами. Образование серебряных частиц фиксировали визуально по окрашиванию растворов и биомассы в желтый и бурый цвета, характерные для НЧ серебра, и по выпадению осадка крупных серебряных частиц. Полученные результаты позволили определить наиболее активные в биосинтезе наночастиц серебра микроорганизмы *Pseudomonas stutzeri и Pseudomonas sp.*

В настоящее время нами был использован инновационный подход для синтеза наночастиц меди с использованием коллекционого бактериального штамма *Pseudomonass stutzeri*. который проявлял максимальную активность также в биосинтезе наночастиц серебра. Проведено изучение воздействия различной температуры, pH и концентрации субстрата на биосинтез наночастиц, которое показало опосредованное влияние на уровень накопления наночастиц серебра и меди. Установлено, что наибольшая бактериальная активность наблюдается через 2 суток культивирования как в биосинтезе серебра, так и меди. Следует отметить, что наночастицы серебра и меди, синтезированные бактериями имели более высокую стабильность. Факт образования наночастиц, синтезированных в присутствии различных микроорганизмов исследован УФ-спектроскопическим и АСМ - методами.

ВЛИЯНИЕ МИНЕРАЛЬНЫХ И БИОМИНЕРАЛЬНЫХ УДОБРЕНИЙ НА КОРНЕОБРАЗОВАНИЕ, РОСТ И РАЗВИТИЕ ОЗИМОЙ ПШЕНИЦЫ

Закирьяева С.И., Джуманиязова Г.И., Арипов Т.Ф.

Институт микробиологии АН РУз, г. Ташкент, ул. А. Кодыри,7б
szakiryaeva@mail.ru

Как известно, большая часть питательных веществ удобрений вымывается в грунтовые воды, улетучивается в атмосферу или переходит в недоступную для растений форму. При этом стоимость минеральных удобрений очень высока, и не всегда их применение оправдывается дополнительной прибавкой урожая. Поэтому необходимо в максимальной степени задействовать качественные факторы, а именно: повышение отдачи от каждого килограмма внесенного минерального удобрения.

Для решения проблемы эффективности использования минеральных удобрений предлагается обрабатывать их специальными микробиологическими биопрепаратами.

Целью исследований было изучение влияния минеральных и биоминеральных удобрений на всхожесть семян, корнеобразование, рост и развитие озимой пшеницы.

Объектами исследований являлись - минеральные удобрения FAN-AGRO 04, FAN-AGRO 07, биоминеральные удобрения FAN-AGRO 04+*B. subtilis* BS-26, FAN-AGRO 07+*B. subtilis* BS-26, сильнозасоленные почвы Сырдарьинской научно-опытной станции селекции семеноводства и агротехнологии выращивания хлопка (НОС НИИ ССАВХ), озимая пшеница сорт «DOSTLIK». Лабораторные опыты проводили по общепринятым в почвенной и сельскохозяйственной микробиологии методам исследований.

Одним из основных факторов положительного действия удобрений на растения является стимуляция их роста и развития.

Нами изучено влияние минеральных и биоминеральных удобрений на всхожесть семян, рост, развитие и корнеобразование проростков озимой пшеницы в лабораторных опытах.

Эксперименты показали, что внесение в почву биоминеральных удобрений, способствовало более интенсивному росту и развитию растений озимой пшеницы. В варианте с биоминеральным удобрением FAN-AGRO 04+*B. subtilis* BS-26 на 25-е сутки опыта высота главного стебля пшеницы была выше на 2,0 см, по сравнению с минеральным удобрением FAN-AGRO-04. В варианте с биоминеральным удобрением FAN-AGRO 07+*B. subtilis* BS-26 на 25-е сутки опыта высота главного стебля пшеницы была выше на 1,5 см, по сравнению с минеральным удобрением FAN-AGRO-07.

Выявлена значительная стимуляция развития корневой системы растений. Длина корней 25 дневных проростков пшеницы в варианте с биоминеральным удобрением FAN-AGRO-04+*B. subtilis* BS-26 была на 2,5 см больше, влажный вес корней был выше на 0,012-0,018 г/1 растение, по сравнению с минеральным удобрением FAN-AGRO-04. В варианте с биоминеральным удобрением FAN-AGRO 07+*B. subtilis* BS-26 длина корней была на 2,5-0,7 см больше, по сравнению с минеральным удобрением FAN-

AGRO-07. Средняя сырая масса стеблей была выше на 0,018-0,016 г, сухая масса стеблей – на 0,004-0,002 г. Сырая масса корней увеличилась на 0,018-0,012 г, сухая масса корней – на 0,010-0,004 г. соответственно.

Таким образом, на основании проведенных исследований можно заключить, что при использовании биоминеральных удобрения на озимой пшенице повышается лабораторная всхожесть семян, стимулируется корнеобразование, рост и развитие надземной части проростков. Это свидетельствует о том, что штамм *B. subtilis* BS-26 повысил коэффициент усвоения питательных веществ из вносимых биоминеральных удобрений.

ИММОБИЛИЗАЦИЯ КЛЕТОК *BACILLUS SUBTILIS* BS-26 НА УНИВЕРСАЛЬНЫХ КОМПЛЕКСНЫХ УДОБРЕНИЯХ И ИХ СОХРАННОСТЬ

Закирьяева С.И.[1], Махамедов А.М.[2], Шоамиров И.Т.[2], Джуманиязова Г.И.[1]

[1]Институт микробиологии АН РУз, г. Ташкент, ул. А. Кодыри,7б
[2] Национальный Университет им. М. Улугбека, Ташкент
szakiryaeva@mail.ru

В естественной среде, особенно в почве, илах и на поверхности растений, микроорганизмы существуют в основном в иммобилизованном состоянии. В традиционном микробиологическом процессе замена свободно культивируемых клеток микроорганизмов на иммобилизованные микробы дает возможность существенно повысить биотехнологию применения микробных препаратов на более качественный и высокий уровень.

Известно, что внесенные в почву минеральные удобрения не полностью усваиваются растениями: азот – на 30-40%, фосфор – на 10-20%, калий – на 35-40%. Остальная часть закрепляется в почве, вымывается в грунтовые воды или выделяется в виде газов в атмосферу. Важным условием эффективного применения бактериальных удобрений является правильное их сочетание с минеральными удобрениями. Объясняется это тем, что микроорганизмы, внесенные с удобрениями, требуют некоторого времени для размножения.

Внесение небольших доз минеральных удобрений, улучшая условия питания растений в ранний период, улучшает и их взаимоотношение с бактериями.

Микробиологические биопрепараты уже широко используют на практике для обработки семян и вегетирующих растений, а совсем недавно появилась возможность наносить агрономически полезные бактерии на поверхность гранул минеральных удобрений. Это позволит повысить коэффициент использования растениями минеральных элементов, содержащихся в минеральных удобрениях и использования почвенных труднодоступных запасов.

В связи с вышеизложенным, **целью** исследований было изучение иммобилизации клеток *B. subtilis* BS-26 и их сохранности на универсальных комплексных минеральных удобрениях.

Объектами исследований являлись: фосформобилизующий почвенный штамм *B. subtilis* BS-26, носители: комплексные минеральные удобрения серии FAN-AGRO. Штамм является действующим началом бактериального удобрения «FOSSTIM-3».

Нами исследовалась иммобилизация клеток *B. subtilis* BS-26 на минеральных удобрениях - FAN-AGRO 03, FAN-AGRO 04, FAN-AGRO 07 и FAN-AGRO 09. Для иммобилизации клеток бактерий использовали физический метод адсорбционной иммобилизации.

Одной из важных задач при исследовании иммобилизованных клеток является их выживаемость и сохранность на носителях. В связи с этим, на следующем этапе нами исследовалась выживаемость клеток *B. subtilis* BS-26 на минеральных удобрениях. Результаты опытов показали, что клетки *B. subtilis* BS-26 хорошо сохранялись на минеральных удобрениях, титр клеток на FAN-AGRO-04 сразу после высушивания составлял 6,50±0,32 lg КОЕ/г, на FAN-AGRO-07 - 6,30±0,29 lg КОЕ/г, на FAN-AGRO-03 и FAN-AGRO-09 - 6,10±0,26 lg КОЕ/г, при исходном титре 11,2±0,42 lg КОЕ/мл. На протяжении 9 месяцев хранения клетки *B. subtilis* BS-26 хорошо сохранялись на минеральных удобрениях с титром клеток 6,1-6,3 lg КОЕ/г.

Таким образом, в результате проведенных исследований было показано, что в качестве носителей для адсорбционной иммобилизации клеток фосформобилизующего штамма бактерий *B. subtilis* BS-26 подходят минеральные удобрения серии FAN-AGRO и на их основе можно приготавливать новые формы биомодифицированных минеральных удобрений.

ИННОВАЦИОННЫЕ НАПРАВЛЕНИЯ В ОБЛАСТИ ПРИМЕНЕНИЯ БАКТЕРИЙ *BACILLUS THURINGIENSIS*

Зохидова Ш.Г.[2], Бабаджанова Л.[3],
Хван К.П.[2], Сагдуллаева Ш.Р.[2], Касимова Г.М.[2], Магай Е.Б.[1]

[1]Институт микробиологии АНРУз, Ташкент, Узбекистан
[2]Ташкентский Химико-Технологический Институт, Узбекистан
[3]Ташкентский Государственный Аграрный Университет, Узбекистан
bacthuringiensis2015@gmail.com

Для современной системы земледелия важное значение имеют микробиологические факторы, которые в значительной степени влияют на повышение плодородия почвы и дают возможность реализовать растениям весь свой потенциал. Обязательным компонентом любого агрофитоценоза является почвенная микрофлора. Именно почвенные микроорганизмы создают в ризосфере растений фон доступных питательных веществ и физиологически активных соединений, способных регулировать метаболизм и взаимоотношения в системе «растение-микроорганизмы». В сельскохозяйственной практике широко применяются биологические препараты, созданные на основе PGPR-ризобактерий (от *Plant Growth-Promoting Rhizobacteria*), способствующих росту растений. Известно, что ризобактерии способны активно заселять ризосферу и ризоплану растений благодаря использованию питательных веществ, поставляемых растениями в составе корневых экзометаболитов. Данный технологический приём является ведущим в достижении высоких урожаев культурных растений. Бактерии группы *Bacillus thuringiensis (Bt),* а также препараты на их основе, на протяжении многих десятилетий широко используются в качестве агентов

борьбы с основными насекомыми-вредителями. В последние годы спектр применения биопрепаратов на основе *Bt* расширился: исследованиями многих ученых установлен антифунгальный эффект в отношении многих фитопатогенных грибов – возбудителей болезней растений. Однако, применение биофунгицидов на основе *Bt* ограничено в виду недостатка сведений о взаимодействии энтомопатогенных бактерий с растениями, поэтому бактерии группы *Bt* до недавнего времени не относили к «истинно ризосферным» микроорганизмам. В связи с этим проводили трансформацию генов, отвечающих за синтез *δ*-эндотоксина, в бактерии родов *Bacillus*, *Pseudomonas*, относящихся к ризосферной группе микроорганизмов. Исследования последних лет свидетельствуют о том, что при искусственной инокуляции посевного материала энтомопатогенные бактерии *Bt* способны развиваться и доминировать в прикорневой зоне растений, выдерживая конкуренцию со стороны фитопатогенной и аборигенной микрофлоры, а также способны проявлять себя как эффективные стимуляторы роста и развития растений. Таким образом, в настоящее время бактерии *Bt* относятся к PGPR-бактериям.

Результаты исследований по антифунгальной активности местных штаммов *Bt* выявили их полифункциональность, что очень важно для биоконтролирующего действия как в отношении насекомых-вредителей, так и в отношении возбудителей болезней растений. Экспериментально подтверждено, что бактерии *Bt* могут колонизировать ризосферу растений хлопчатника и проникать внутрь корней, что очень важно при их использовании в качестве биоконтролирующего инструмента. Кроме того, местные штаммы *Bacillus thuringiensis* способны стимулировать рост и развитие хлопчатника. Полученные экспериментальные данные подтверждают причастность бактерий *Bacillus thuringiensis* к группе PGPR – бактерий.

Согласно литературным данным, возбудители вертициллезного, фузариозного вилта и корневой гнили в естественных условиях являются

почвенными обитателями и основным путем проникновения их в растения являются корни. Колонизируя ризосферу местные штаммы *Bt* выполняют важнейшую роль естественной преграды для проникновения грибов в растение. Как показали результаты исследований, полифункциональные бактерии *Bt* стимулируют рост и развитие хлопчатника.

АСПОРОГЕННЫЕ ДРОЖЖИ ОВОЩНЫХ КОНСЕРВНЫХ ПРОДУКТОВ

Кадирова З.А., Мавлоний М.И.

Национальный университет Узбекистана имени Мирзо Улугбека,
100174, Узбекистан, г. Ташкент, ул.Университетская, 4.
zukhra_abrarovna7@mail.ru

Аспорогенные дрожжи классифицируются по системе Ж. Лоддер и Крегера ван Рий, предложенной в 1952 г. В основу классификации положены способность микроорганизмов образовывать ложный мицелий и способность к брожению. Главными родами этой группы являются *Candida* и *Torulopsis.*

Наша цель выделить и изучить аспорогенные дрожжи консервных продуктов (икры баклажанной, зеленого горошка, лечо, томатной пасты), производимых на консервных заводах Сурхандарьинской области, а также определить таксономическое описание доминирующих видов аспорогенных дрожжевых микроорганизмов.

Дрожжевая микрофлора овощных консервных продуктов производства Сурхандарьинской области очень разнообразна. Как отмечалось, значительное место в микрофлоре икры баклажанной, зеленого горошка, лечо, томатной пасты занимают дрожжи. Дрожжи имеют разнообразную форму: круглую, эллиптическую, овальную, реже лимонообразную и цилиндрическую, иногда сильно вытянутую в виде гиф. Форма и структура клеток непостоянны: они могут меняться в связи с изменением условий культивирования.

Наши результаты исследования показали присутствие дрожжей во всех изученных образцах разных сортов икры баклажанной, зеленого горошка, лечо, томатной пасты. Преобладали дрожжи рода *Torulopsis sp.*

К роду *Candida* мы отнесли дрожжевые организмы, легко образующие псевдомицелий, при этом клетки псевдомицелия и бластоспоры располагаются по определенному типу.

Штаммы имели клетки разнообразной формы и величины. На жидком солодовом сусле образовывали пленку, кольцо и осадок. Почти все штаммы этого рода отличались способностью сбраживать сахара.

При идентификации дрожжей до вида учитывали следующие признаки: характер роста на плотных и жидких средах; характер псевдомицелия и расположение бластоспор на предметных стеклах со слоем агаризованной среды; способность сбраживать и усваивать углеводы, усваивать нитраты в качестве единственного источника азота.

Морфологические и физиологические признаки дрожжей этого рода не всегда были стабильными. Колонии на сусло-агаре были гладкими, а в ряде случаев – складчатыми, псевдомицелий и бластоспоры не всегда удавалось выявить. Наиболее устойчивый признак: способность усваивать сахара путем сбраживания и окисления.

Среди выделенных дрожжей преобладали виды *Torulopsis bacillaris, Candida tropicalis, Rhodotorula rubra, Rhodotorula glutinis* и др.

Значительное место в микрофлоре консервных продуктов, как лечо и томатная паста занимали дрожжи рода *Rhodotorula*

Дрожжи обнаружили в большом количестве почти во всех исследованных образцах консервных продуктов. В основном это были виды *Torulopsis bacillaris, Candida tropicalis, Rhodotorula rubra, Rhodotorula glutinis, Candida gulliermondii* и др.

При исследовании из консервных продуктов (икры баклажанной, зеленого горошка, лечо, томатной пасты) в чистую культуру выделены дрожжевые микроорганизмы, часть которых оказалась не спорообразующими. Изучение культуральных, морфолого-физиологических и биохимических свойств изолированных культур позволило описать аспорогенные дрожжевые микроорганизмы. Доминирующими видами микрофлоры консервного

производства Сурхандарьинской области являлись *Rhodotorula glutinis, Rh.rubra, Rhodotorula sp., Torulopsis fomata, Tor. bacillaris, Tor. apicola, Torulopsis sp., Candida crusei, C. utilis, C. tereus.*

ВЫДЕЛЕНИЕ ВИРУСА ТШ-ВТМ ИЗ РАСТЕНИЯ *PHYSALISA ALKEKENGI*

Кадирова З.А., Ташмухамедова Ш.С., Маджидова Р.Х.

Национальный университет Узбекистана имени Мирзо Улугбека,
100174, Узбекистан, г. Ташкент, ул.Университетская, 4.
zukhra_abrarovna7@mail.ru

Известно что, тобамовирусы заражают большое количество видов растений, особенно существенный ущерб они наносят семейству пасленовых, снижая урожай плодов и ухудшая их качество. Особенно, ТШ-ВТМ (Томатный штамм вируса табачной мозаики) чрезвычайно инфекционен. Он имеет широкий круг растений хозяев, включая овощные, сельскохозяйственные культуры, декоративные и лекарственные. Физалис (*Physalisa alkekengi L.*). является лекарственным растением и часто заражается именно вирусом ТШ-ВТМ. Поэтому в настоящее время требуется изучение вируса и ранняя диагностика лекарственных растений. В связи с этим, разработка метода выделения и очистки вируса томатного штамма является актуальной.

В данной работе для выделения вируса из растительной клетки использовали метод гомогенизации. Для этого взяли 500 г листья физалиса гомогенизировали в присутствии 0,05М фосфатного буфера pH 7,5. Затем фильтровали и центрифугировали. Далее к вирусной суспензии добавляли ПЭГ для осаждения белковой массы. После этого определяли концентрацию вируса с помощью спектрофотометра. При этом нужно отметить, что для дальнейшей очистки вируса биоспецифическим методом нами был заранее синтезирован иммуносорбент на основе полиамидных гранул с ковалентно иммобилизованными антителами, полученной к ТШ-ВТМ.

К приготовленному иммуносорбенту добавляли вирус (ТШ-ВТМ) в количестве 8 мг в присутствии сорбирующего буфера: 0,05М трис-HCI, содержащий 5% этиленгликоля и 30 мМ $CaCI_2$. Смесь инкубировали при постоянном перемешивании в течение 2 часов. Неадсорбированную часть вируса удаляли центрифугированием. Количество связанного вируса оказалось равным 28,5 мг вируса на 1г иммуносорбента.

На следующем этапе исследований проводили десорбцию вируса. Оптимальное значение pH для десорбции вируса находили путем использования градиента pH. Для этого колонку заполняли сорбентом с иммобилизованными антителами, и после уравновешивания сорбирующим буфером (0,05 М трис-HCI, 38 мМ $CaCI_2$, 5% этиленгликоля) наносили 1,5 мл (10мг) частично очищенного препарата ТШ-ВТМ. В процессе адсорбции промывали колонку сорбирующим буфером со скоростью 7 мл/ч, объем фракции 5 мл. Неадсорбированный вирус определяли спектрофотометрически. После тщательной промывки колонки, связанный вирус элюировали 0,05М трис- HCI буфером, содержащим 1 м KCI и 0,015 М ЭДТА с градиентом pH от 7,5 до 11,0, повышая pH 0,1 Н раствором NaOH.

Результаты исследований показали, что сначала из колонки вымываются неадсорбированная часть вируса. Возможно, это агрегаты ТШ-ВТМ, которые могли образоваться при длительном хранении очищенного вируса. При повышении pH с колонки постепенно начинает элюироваться связанная часть вируса, причем максимум десорбции наступает при достижении высоких значений pH (10,5-11). При этом из колонки элюировалась основная часть вируса. Спектрофотометрический анализ полученных фракций показал присутствие в них вируса.

Таким образом, можно считать, что при 0,05 М трис-HCL буфере содержащем 0,1М KCI при pH 5,0 происходит полная десорбция вируса с колонки. В работе был выделен вирус ТШ-ВТМ из растения *Physalisa alkekengi* и была проведена очистка вируса методом биоспецифической хроматографии. При этом был использован иммуносорбент на основе

полиамидных гранул с ковалентно иммобилизованными антителами. Установлено оптимальное условие сорбции и десорбции вируса на иммуносорбенте. Была показана, что десорбирующий раствор 0,05М трис-HCL буфер содержащий 1М KCl, при элюции повышает выход вируса.

ДИАЗОТРОФЛАРНИНГ МАҲАЛЛИЙ ШТАММЛАРИ – ШОЛИ ЎСИМЛИГИНИНГ БИОСТИМУЛЯТОРЛАРИДИР

Қодирова Г.Х., Шакиров З.С., Абдуллаев А.К., Сафаров И.В., Хамдамова Н.А.

Ўз РФА Микробиология институти
100128, Ўзбекистон, Тошкент шаҳри, А.Қодирий кўч., 7б
kadirovagul@mail.ru

Диазотрофларнинг (цианобактериялар, азоспириллар ва азотобактерлар) тупроқга интродукцияланиши ва ризосферани фаол колонизациялаши тупроқдаги органик моддаларни оширади, ризосферани кислород билан бойитади, фосфатларнинг минерализациясида иштирок этади ва ауксинлар, витаминлар ва аминокислоталар синтез қилиши туфайли қишлоқ хўжалиги ўсимликларининг ўсиши ва ривожланишини кучайтиради. Диазотрофлар асосида яратилган биоўғитлар деҳқончиликнинг муҳим компонентларидан бири бўлиб, ушбу биоўғитларни қўллаш натижасида шоли экиладиган майдонлар табиий азот билан бойитилади.

Юқоридаги фикрлардан келиб чиққан ҳолда ушбу ишнинг мақсади диазотроф бактериялар маҳаллий штаммларининг шоли турли навларининг ўсиши ва ривожланишини стимуляция қилишини ўрганишдан иборатдир.

Диазотрофларнинг фаол маҳаллий штаммлари шоли турли навларининг ўсиши ва ривожланишига ижобий таъсир кўрсатиши аниқланди. Хусусан, “Лазер”, “Мустақиллик” ва “Искандар” шоли навлари уруғларини диазотрофлар ёрдамида инокуляциялаш натижасида уруғларнинг униб чиқиши 95-100% ни, шу билан бирга илдизларнинг узунлиги эса 0.2-0.3 см ни ташкил этди. Шуни таъкидлаш зарурки, учинчи суткада уруғларнинг униб чиқиши шоли навларидан қатъий назар биринчи суткага нисбатан 10 марта кучайди. Шоли уруғларини *Azospirillum* авлодига мансуб бўлган бактериялар

билан инокуляциялаш натижасида илдиз тизими морфологиясида ўзгаришлар кузатилди. Яъни шолининг “Лазер” нави уруғларини *Azospirillium* sp. UT13-8 ёрдамида инокуляциялашда ниҳоллар илдиз тизимида назоратга нисбатан деформацияга учраган узун илдиз тукчаларининг ҳам борлиги кузатилди. Маълумки, ушбу илдиз тизимидаги морфологик ўзгаришлар *Azospirillium* авлодига мансуб бўлган бактерияларнинг илдиз системасини стимуляцияловчи турли фитогормонлар синтез қилишидан дарак беради. Жумладан, фитогормонал фаол штаммлар *Azotobacter chroococcum* 44, *Azotobacter* sp.12, *Nostoc calcicola* 25, *Nostoc linckia* 4 ўсимликнинг илдиз морфологиясини шакллантириб, кўп миқдорда ёнаки илдизлар ҳосил қилди. Буни эса мазкур штаммларнинг индол – 3 – сирка ва бошқа ауксинлар синтезлаши билан изоҳлаш мумкин.

Шоли навлари уруғларига диазотрофлар маҳаллий штаммлари билан ишлов бериш натижасида ўсимликлар биомассасининг ҳам ошиши кузатилди. *Azotobacter* sp. 12 ва *Azospirillium* sp. UT13-8 бактериялари билан ишлов берилган шолининг “Лазер” нави биомассаси назоратга нисабатан мос равишда 58% ва 61 % га ошди. Биомассанинг максимал ошиши диазотрофларнинг асссоциацияси, яъни *Azospirillium* UT13-8 + *Azotobacter* sp.12 + *Nostoc calcicola* 25 билан ишлов берилган вариантларда кузатилди.

Ўтказилган микровегетацион тажрибаларда фитогормонал фаол штаммларнинг турли шоли навларига ижобий таъсир кўрсатиши изоҳланди. *Azospirillium* sp. UT13-8, *Azotobacter chroococcum* 44, *Azotobacter* sp.12, *Nostoc calcicola* 25, *Nostoc linckia* 4 культураларининг индол – 3 – сирка кислотасини синтез қилиши аниқланди. *Nostoc calcicola* 25, *Azotobacter chroococcum* 44 ва *Azospirillium* sp. UT13-8 культураларининг индол – 3 – сирка кислотасини синтез қилиши 7 кун давомида ўстирилиши натижасида мос равишда 22,2 мг/л, 25,5 мг/л ва 26,3 мг/л ташкил этиши кузатилди.

Хулоса қилиб айтиш мумкинки, фитогормонал фаол диазотрофларнинг маҳаллий штаммлари ўсимликни табиий азот билан бир қаторда ризосферада фитогормонлар, жумладан, индол – 3 – сирка кислота ва бошқа ауксинлар

ҳамда гиббереллин табиатли моддалар синтезлаши орқали ўсимликларнинг ўсиши, ривожланишини кескин даражада кучайтиради.

CALLIPHORA ЛИЧИНКАЛАРИ АСОСИДА БИОТЕХНОЛОГИЯНИ РИВОЖЛАНТИРИШДА ФОЙДАЛАНИШ

Комилова Ш.А., Дадамуҳаммедов Х,А., Мирхўжаева М.У.
Ташкентский химико-технологический институт
100011, г. Ташкент, улица Навои, д. 32
abdullayev_xurshidbek@mail.ru

Уй паррандаларини асосий озуқаси донли ўсимликлар: буғдой жўхори, ячмень ва бошқалар. Уларни таркибида барча муҳим моддалардан оқсиллар, ёғлар, углеводлар, витаминлар, макро ва микроэлементлар мавжуд. Паррандалар рационида оқсилга талаб катта аммо оқсилнинг ўзи эса етишмайди. Оқсиллар нафақат яшаши учун балки тухумни устки қаватини шакилланишида ҳам муҳимдир. Шунинг учун фермер хўжалигида оқсил манбаи ҳисобланган озуқавий чиқиндилар, чувалчанглар, қўнғизлар, личинкалардан фойдаланиш унумлидир.

Калифоридлар ёки кўк пашшалар (Diptera, Calliphoridae) бутун ер юзасига тарқалган катта пашша оиласига тегишли.

Тошкент кимё – технология институтининг “Биотехнология” лабораториясида кўк пашша личинкасининг биомассасини культуралаш технологияси ишлаб чиқилди. Озиқа чиқиндиларидан фойдаланишда кўп миқдордаги оқсил ажралади. Бу эса хашоратлар истиқболини объект сифатида қаралиб, ишончли, арзон, хом ашё манбаи ҳисобланади.

Намлик 80% бўлган дробина ёки барда биомассаси билан озиқланган хашорот бешинчи кунига тухум қўяди ва уч кун ичида личинкага айланади. У оқсил, ёғ, физиологик фаол моддалар манбаи сифатида фойдаланилади. Личинканинг антисептик моддаси билан микрофлора йўқ қилинади. Бундай қайта ишланган маҳсулот уларга озиқадек ҳизмат қилади. Шундай қилиб етарлича миқдорда бутун ҳажмда личинкага эга бўлиб, барча озиқа чиқиндиларини қайта ишлашга эришилади. Технологик жараён 5- кунга келиб

пашша қўйган тухумнинг 1кл личинкаси 100 кл личинка биомассасини ва 450 кл органик озиқа берадиган 1 тонна чиқиндини қайта ишлаш имконини яратади.

Қишлоқ хўжалиги ҳайвонлари паррандаларини боқишда личинка биомассаси оқсил қўшимча сифатида фойдаланилади. Личинка биомассасини комплекс қайта ишлаш кўп фаол физиологик: хитин, антимикроб пептидлар, ёғ кислоталар, органик минерал моддалар, гармон ва бошқа моддаларни беради. Хашорат оқсилининг мукаммал аминокислотали таркиби қишлоқ хўжалиги хайвоноти ва балиқлар учун озиқа асоси ҳисобланади. Шундай қилиб личинка биомассаси замонавий илмий тарафдан қараганда экзотик егулик эмас, балки озиқа учун қимматли хомашё ҳисобланади ва косметологияда, фармацевтикада ҳамда паррандачилик, қўй қўзичилик ва балиқчилик соҳаларда керакли озуқадир. Бу системада объект қилиб Calliphora vicina пашшаси личинкасидан фойдаланилади. Шу мақсадда личинка биомассаси қиммат бўлмаган озиқалар билан боқилади.

Изланишлар ва тажриба ишлари олиб бориш натижасида лаборатория усул билан личинка ёғли тана культура муҳити учун антимикроб пептид комплекс ишлаб чиқилди. Изланишлар натижасида личинкалар гемолимфида шундай фаол эрувчан фактор аниқландики у культурал муҳитда қўлланилиши биланоқ ёғли тана ҳужайрасининг биосинтетик фаоллигини ошириб юборди. Қайта тахлил натижалари шуни кўрсатдики, активлашув фактори иссиқликни бир маромда ушловчи, молекула массаси билан гидрофоб бирикиш нисбати 0,9-2,5 кж ҳисобланади. Бу эса Calliphoridae оиласидаги икки қанотлиларга хос. Ишлаб чиқилган метод оқсилли ва пептид препарати олишда янги технологияни яратишга хизмат қилади. Бу препаратлар сифати бўйича майдаланувчи ҳужайралардан олинган маҳсулот сифатидан қолишмайди, нархи юзасидан микробиологик синтез маҳсулотлари билан рақобатлашиши мумкин.

Фойдаланилган адабиётлар

1.Труфанова Е.И. Обзор фауны каллифорид (Diptera, Calliphoridae) Воронежской и Липецкой областей // Фауна Центрального Черноземья и

формирование экологической культуры. Материалы Первой региональной конференции г. Липецк, 1996. - С. 96-98.

БИОТЕХНОЛОГИЯ ПРОИЗВОДСТВА СТРЕСС УСТОЙЧИВОГО, КОНКУРЕНТОСПОСОБНОГО ПРЕПАРАТА НА ОСНОВЕ МЕСТНЫХ ШТАММОВ РИЗОБАКТЕРИЙ С КОМПЛЕКСНЫМИ СВОЙСТВАМИ

Муродова С.С., Давранов К.

Национальный университет Узбекистана,
100128, Узбекистан, г. Ташкент, Алмазарский р-он, ул. Унивеситетская 2.
ssmuradova@rambler.ru

Расширение площадей орошаемых земель, подвергнутых вторичному засолению в мире, резкое снижение урожайности сельскохозяйственных культур, требует разработки новых эффективных методов биотехнологии для преодоления засоления почв и, особенно, для повышения устойчивости растений к засолению. В этом случае особое значение имеют ризобактерии, приспособленные к жизни в условиях засоления почв, а также оценка их биотехнологического потенциала в повышении устойчивости растений к засолению. Создание конкурентоспособных микробных препаратов на основе эффективных ризобактерий является одной из актуальных проблем.

Целью исследования является создание нового конкурентоспособного микробного препарата на основе местных штаммов ризобактерий, повышающих устойчивость хлопчатника к стрессовым условиям и оценка их практического значения.

В результате многоступенчатого скрининга из ризосферы хлопчатника отобраны штаммы, устойчивые (до 200 мМ) к хлоридно-сульфатному и сульфатному засолению; на основе изучения морфолого-культуральных, физиолого-биохимических свойств, а также 16S рРНК анализа идентифицированы местные солеустойчивые штаммы ризобактерий *Pseudomonas stutzeri, Bacillus subtilis, Bacillus megaterium.* Эти штаммы служили основой производства биопрепарата, состоящего из консорциума ризобактерий. Данный препарат впервые был успешно апробирован в фермерском хозяйстве «Заминдор» Джизакского района Джизакской области

при выращивании хлопчатника, в честь которого и был назван препарат «Замин-М»

В исследованиях были определены оптимальные параметры для культивирования 3 штаммов ризобактерий. В качестве компонентов питательной среды использованы различные источники азота, такие как соли аммония, пептон, дрожжевой экстракт, кукурузная мука и др. Штаммы ризобактерий, входящие в состав биопрепарата, культивировали на различных питательных средах при 28°С в течении 24-48-72 часов. Оптимальной питательной средой оказалась МПБ+биотин. Но исходя из того, что данная среда непригодна из-за дороговизны для использования в промышленных масштабах, выбрана среда пивные дрожжи+сироп жмыха тутовника (отход производства семян). При приготовлении сухого микробного препарата с целью повышения жизнеспособности в условиях засоления, роста и размножения микробных клеток внутри субстрата, использовали различные дешевые субстраты на основе местных бытовых отходов, такие как навоз, опилки, почва, биогумус, фосфогипс, отход угля и др. В результате исследований были отобраны субстраты, которые давали возможность достичь 3 уровня титра клеток (нижний, средний и верхний) ризобактерий, такие как биогумус, фосфогипс, отход угля, в количественном соотношении 1:1:1.

При использовании препарата с нормой расхода 2,5 л/т семян перед посевом, высота растений хлопчатника составляла 74,0 см и больше, а при норме 3,0 л/т - 70,5 см. При обработке семян хлопчатника с нормой расхода 2,5 л/т отмечена 88% ная всхожесть семян, где этот показатель варьировал от 11,7 до 6,9% ной прибавки по сравнению с контролем и эталонным вариантом «Байкал-ЭМ1». В результате проведенных экспериментов определена норма расхода микробной композиции «Замин-М», которая способствовала повышению всхожести семян на 9,0-11,7% и получению 4,9 ц/га дополнительного урожая хлопка сырца по сравнению с контролем и 2,6 ц/га по сравнению с эталоном «Байкал ЭМ1».

ВЛИЯНИЕ ФОТОПЕРИОДА НА ПРОЦЕСС КЛУБНЕОБРАЗОВАНИЯ ПРИ КУЛЬТИВИРОВАНИИ КАРТОФЕЛЯ *IN VITRO*

Насырова Г.Б., Сабирова М.Ш., Сайфиева Х., Жангирова Н., Холмуратов Э.Г.

Институт биоорганической химии им. акад. А.С. Садыкова АН РУз
100125, Узбекистан, г. Ташкент, ул. Х. Абдуллаева, д. 83
biorast50@mail.ru

Процесс клубнеобразования у картофеля, складывающийся из инициации, роста и развития клубней и факторы, затрагивающие этот процесс, до настоящего времени не достаточно осмыслены. Урожай картофеля зависит как от интенсивности клубнеобразования, то есть быстрого образования наибольшего количества клубней, так и от последующего их развития, то есть накопления образующимися клубнями биомассы. Инициация процесса клубнеобразования, вероятнее всего, не связана с развитием клубней, то есть, интенсивность роста клубней может находиться под влиянием факторов, не оказывающих влияние на инициацию образования клубней. Фактически установлено, что фотопериод является важным фактором, влияющим на инициацию процесса клубнеобразования и на количество образующихся клубней. Генотипспецифичность чувствительности процесса клубнеобразования по отношению к длине светового периода обуславливает разделение сортов картофеля на весенние раннеспелые, летние раннеспелые, весенние среднеспелые, летние среднеспелые т.п.

В связи с этим, цель данного эксперимента – на основе определения зависимости инициации процесса клубнеобразования и развития микроклубней от экспланта и фотопериода в процессе культивирования в условиях *in vitro* у различных генотипов картофеля, разработка способа оценки продуктивности картофеля при различной длине светового дня.

Для определения влияния фотопериода на процесс клубнеобразования использовали три типа эксплантов 35 генотипов картофеля из биотехнологической коллекции ИБОХ АН РУз: прикорневая часть растения с

латеральной почкой и корневой системой, средняя часть растения с латериальной почкой и апикальная часть растения.

Каждый тип эксплантов культивировался отдельно при 5 режимах освещения: постоянное культивирование при фотопериоде 16:8 (16 часов день: 8 часов ночь); постоянное культивирование при фотопериоде 8:16 (8 часов день: 16 часов ночь); 10 дней культивирования при фотопериоде 16:8, затем постоянное культивирование в темноте; 20 дней культивирования при фотопериоде 16:8, затем постоянное культивирование в темноте; постоянное культивирование в темноте.

Данные по количеству образовавшихся микроклубней собирались на 120-й день культивирования по всем вариантам и по всем повторам, данные по массе микроклубней собирались на 150-й день культивирования.

В результате анализа данных эксперимента было определено, что процесс клубнеобразования in vitro носит не только гентипзависимый характер, но и на его инициацию и интенсивность оказывают большое влияние тип экспланта и режим фотопериода.

Анализ отдельных факторов выявил генотипы, обладающие лучшей продуктивностью, как в плане количества микроклубней на эксплант, так и в плане наибольшей бюиомассы. Данные также свидетельствуют, что экспланты прикорневой части у *in vitro* растений значительно превосходят другие типы изученных эксплантов с точки зрения производимых микроклубней на один эксплантат при 120 и 150 днях субкультивирования. Напротив, микроклубни, производимые апикальной частью имеют самый высокий средний вес (50,2 мг). Также можно сказать, что режим фотопериода 8:16 (8 часов день/ 16 часов ночь) является наиболее значимым режимом для производства микроклубней у большинства генотипов.

В результате проведенных экспериментов был разработан протокол для оценки клубнеобразовательного ответа генотипов картофеля по отношению к фотопериоду и определены условия для производства *in vitro* микро клубней у различных генотипов картофеля.

МИКРОБ АНТАГОНИСТЛАР ВА УЛАРНИ ЎСИМЛИКЛАРНИ ҲИМОЯ ҚИЛИШДА ҚЎЛЛАШ

Новичкова А.А., Артикова Р.М., Тураева Д.А.

100011, Ўзбекистон, Тошкент, Навоий кўчаси 32-уй,
Тошкент кимё-технология институти.
tkti_info@edu.uz

Қишлоқ хўжалик экинларини зарарли организмлардан микробиологик усулда ҳимоя қилиш биологик курашнинг асосий тармоқларидан бири ҳисобланади. Бу усул ўсимликларни касаллик қўзғатувчи фитопатоген микроорганизмлардан ҳимоя қилишда антагонист микроорганизмларни қўллашга асосланган.

Экинларни микробиологик усулда ҳимоя қилиш фақат антибиотик ва микробиологик препаратларни қўллаш билан чегараланмасдан, балки патогенга қарши курашда тупроқдаги микрооганизмларни тури ва миқдорини бошқаришни ҳам амалга оширади.

Қишлоқ хўжалик экинларини ҳимоя қилишда тупроқ замбруғлари орасида триходерма туркумининг вакиллари алоҳида ўрин тутади. Чунки, бу туркум вакиллари ўсимликларда касаллик қўзғатувчи бир қатор фитопатоген микроорганизмларга қарши антагонистик хусусиятларини намоён қилади. Бу эса уларнинг орасидан қишлоқ хўжалик экинларининг бир қатор касалликларига қарши кўплаб имконият берадиган истиқболли штаммларини ажратиб олишга замин яратади.

Табиий шароитда тупроқдаги микроорганизмлар ўзаро бир-бирлари билан фақат ҳамкорликда яшаб қолмай, балки улар антагонистик хусусиятларни ҳам намоён қилади. Антагонистик муносабатлар бактериялар, актиномицетлар, замбуруғлар ва бошқа микроорганизмлар ичида кенг тарқалган бўлиб, у микроорганизмларнинг антибиотик моддасини ҳосил қилиш қобиляти билан боғлиқ.

Табиатда замбуруғлар 150 дан ортиқ антибиотиклар ҳосил қилади.

Антибиотик моддалар замбуруғларнинг иккиламчи метаболитлари қаторига киради.

Тупроқ микроорганизмлари орасидан антагонистик хусусиятни намоён қиладиганларини ажратиб, улардан донли экинлари касалликларига қарши самарасини ўрганиш мақсадида Тошкент вилояти тупроқларидан *Trichoderma* туркумига мансуб замбуруғлар ажратиб олинди.

Илмий тадқиқот материали сифатида буғдой уруғлари ва тажриба далаларидан буғдой ўсимлигининг илдиз ризосфераси ва илдиз озиқланадиган тупроқ қатлами атрофидан олинган тупроқ намуналари (5-10см) хизмат қилди. Тупроқлардан ажратилган замбуруғларнинг антагонистик хусусиятларини ўрганиб, уларнинг орасидан *Trichoderma lignorum 3M* штаммини танлаб олинди. *Trichoderma lignorum 3M* штамминиг Botrytis cinerea Pers патогенига нисбатан антифунгицидлик фаоллиги замбуруғни агарли ва суюқ озиқа мухитларида 25^0С хароратда ўстириб блок усулида ўрганилди.

Trichoderma lignorum 3M штамми замбуруғлари ва патогена *Botrytis cinerea Pers*ни бир вақтда экиб, биргаликда ўстирилганда *Trichoderma lignorum 3M* штамми замбуруғлари томонидан антибиотик синтезланиши натижасида ўстиришнинг 2-4 кунлари лизиснинг шаффоф зоналари хосил бўлиши кузатилди.

Ўстиришнинг кейинги кунларида *Botrytis cinerea Pers* колониялари атрофида шаффоф лизис зонасининг ортиб боришини кузатиш мумкин, 6-кунга келиб эса патоген микроорганизм ўсишининг батомом тўхтаганини кўриш мумкин бўлди.

Шундай қилиб, олиб борилган илмий тадқиқот ишлари натижасида *Trichoderma lignorum 3M* штамми замбуруғлари *Botrytis cinerea Per* патогенига нисбатан фаол антагонистик хусусиятга эга эканлиги аниқланди.

Юқорида олинган маълумотларга асосланиб мазкур штаммни кейинчалик қишлоқ хўжалик экинларини касалликлардан ҳимоя қилиш учун юқори

самарали, кенг антогонистик таъсир спектрига эга препаратлар олишда фойдаланиш мумкин деган хулосага келинди.

ПРОЕКТИРОВАНИЕ РЕЦЕПТУРЫ КОЛБАСНЫХ ИЗДЕЛИЙ СЛОЖНОГО СЫРЬЕВОГО СОСТАВА

Новичкова А. А., т.ф.н. доц. Чориев А. Ж

Ташкентский химико-технологический институт,
100011, Ташкент, Шайхонтохурский р-н, проспект Навои , 32.
ell_angel@mail.ru

По данным журнала Environmental Research Letters, более 150 млн человек по всему земному шару подвергнутся риску дефицита белка уже к 2050 году. Нехватка важного компонента в продуктах питания поставит под угрозу здоровье и жизнь уязвимых групп населения Земли. По данным ООН, если в меню недостаточно белка, дети остаются низкорослыми, больше болеют, также более вероятна смертность в раннем возрасте.

В настоящее время производители колбасных изделий, в условиях жесткой конкуренции, модернизируют и совершенствуют свои технологии и рецептуры. Не последним так же является вопрос о нехватки полноценных белков и повсеместного удовлетворения населения необходимыми пищевыми компонентами.

Добавление в колбасные изделия грибов Pleurotus ostreatus позволяет расширить ассортимент производимой продукции, а так же повысить пищевую и биологическую ценность продукции.

Грибы Pleurotus ostreatus содержат в себе как заменимые, так и незаменимые аминокислоты, большое количество витаминов и минеральных веществ, которые необходимы в ежедневном рационе. Pleurotus ostreatus в сухом виде содержат в 100г: белки – 10,5- 30,0г, углеводы – 60,0 - 82,1г, жиры – 1,2 -7,0 г, зольные вещества 5,0-9,0г. Усвояемость белков в грибах Pleurotus ostreatus после термической обработки равна 70%.

Углеводы представлены легкоусвояемыми углеводами (глюкоза, фруктоза, сахароза), полисахаридами: бета-глюкан (обладает высоким противоопухолевым и иммуномодулирующим действием, снижает уровень холестерина), манит и хитин. Данные вещества входят в клеточные оболочки гриба и являются эффективными сорбентами токсических веществ.

Готовые колбасные изделия (сосиски) из куриного фарша имеют следующую пищевую ценность в 100гр: белки - 15.21 гр., жиры - 15.34 гр., углеводы – 0,64 гр.

Предлагаемый рецептурный состав куриных сосисок с добавлением грибов имеет преимущества по белковому составу в сторону увеличения количества белка и уменьшению жиров, что делает продукт более сбалансированным и легкоусвояемым: белки - 18,56 гр.; жиры – 16,86 гр.; углеводы – 4,21 гр.

Таким образом, добавляя в колбасные изделия грибы Pleurotus ostreatus, повышаются полезные свойства продукта, улучшаются вкусовые качества и повышается пищевая ценность продукта за счет увеличения количества полноценного белка на 18,1%.

Список использованной литературы:

1. Гиро Т.М., Чиркова О.И. Мясные продукты с растительными ингредиентами для функционального питания // Мясная индустрия. 2007.
2. Пищевые добавки и пряности: История, состав и применение. СПб.: ГИОРД, 2000
3. "Энциклопедия. Пищевые добавки." Л.А. Сарафанова.
4. Пищевая химия. Учебное пособие. Т. Крахмалева, Э. Манеева. Оренбург, 2012г.

ACHILLIA FILIPENDULINA, EREMECUS LGAE ВА *ALLIUM POTENSUM* ЛАРИНИ КЎПАЙТИРИШ ВА УЛАРНИ “ЎТ ЎСИМЛИКЛАР СИСТЕМАТИКАСИ” ТАЖРИБА МАЙДОНИДАГИ ХОЛАТИ

Норбобоева[1] Р.Б., Примова[2] Ф.Р.

[1]ЎзР ФА Геномика ва биоинформатика маркази, [2]Ботаника боғи.
111215, Ўзбекистон, Тошкент вилояти, Кибрай т-н., Университет кўчаси, 2 уй.
norboboeva2015@mail.ru
[2]Тошкент шахри, Юнусобод т-н., Боғишамол кўчаси, 232 уй.
Premova-@mail.ru

Бугунги кунда Ўзбекистонда 4600 дан ортиқ ўсимлик турлари ўсади. Унинг 3000 дан ортиғи ёввойи ҳолда ўсувчи турлар бўлиб, 9 фоизи эндемик, камёб ёки йўқолиб кетиш хавфи остида. Ёввойи ҳолда ўсувчи ўсимлик турларнинг 324 таси Ўзбекистон «Қизил китоби»га киритилган.Табиатда тарқалган камёб, эндем турларини сақлаб қолиш мақсадида бевосита табиатдан уруғлар, ўсимлик туплари, қаламчалари, илдиз мевалар, илдиз тугунаклар ва пиёзлари келтирилиб ўт ўсимликлар систематикаси участкасига экилди, бугунги кунда уларни сақлаш, кўпайтириш, фенологик кузатувлар олиб бориш, касалликлар ривожланишига қараб касаллик ва зараркунандаларга қарши чора тадбирларни қўллаш ишлари олиб борилмоқда. Ботаника боғи ўзга ҳудудлардаги ўсимлик турларини республикамиз шароитида интродукцияси, морфологияси, биологик ва бошқа хусусиятларини ўрганиш ҳамда ўсимликлар дунёси генофондини сақлашда алоҳида ахамиятга эга. Боғининг 43.5 гектар майдонида дендропарк, 5 гектар майдонида кўкаламзорлаштириш учун манзарали кўчатлар етиштириш питомниклари, тропик ва субтропик ўсимликлар ўсадиган оранжерея, иссиқхоналар ҳамда ҳудуд атрофида 16 гектар ихота дарахтзорлари жойлашган.

Ҳозирги кунда ботаника боғида биологик, карантин, ўт ўсимликлар систематикаси каби илмий ишлаб чиқариш тажриба майдонлари мавжуд булиб, боғ ҳудудидаги экспозицияларда географик келиб чиқишига асосланган ҳолда Ўзбекистон Республикаси “Қизил китоби” га киритилган ноёб ўсимликлар сақланади.

Ўт ўсимликлар систематикаси тажриба майдони учун боғининг Шимолий Америка ва Марказий Осиё дендрофлораси майдонлари билан чегарадош ҳудудидан 1.5 гектар ер майдони ажратлган бўлиб, ўт ўсимликларнинг 100 га яқин ноёб турлари сақланаётган ушбу майдончанинг вазифаси табиатда тарқалган камёб, эндем ва “Қизил китоб” га киритилган турларини сақлаб қолиш ва кўпайтиришдан иборат. Ҳар йили майдон тўлиқ бегона ўтлар, ляналар, c*uscuta* ва режасиз ўсиб кетган ниҳоллардан тозаланди. Сақланаётган ўт ўсимликлар фенологик кузатилиб, пишиб етилган уруғлар териб олидади. Ўтган йили *Allium potensum, A.stibitatum, A.suvarovii, A.cristophi, Eremecus lgae, E regelii, E.Robustus, Daucus carata, Salvia vigrata, Achillia filipendulina* ва бошқа турлар вегетатция бошланиши, ғунчалаш ва гуллаш вақтида кузатилиб, олинган натижалари таҳлил қилинди.

1жадвал

Айрим турларни ғунчалаш ва гуллаш даври

№	Турлар номи	Вегетатцияни бошланиш вақти (сана, ой)	Ғунчалаш вақти (сана, ой)	Гуллаш вақти (сана, ой)
1	Allium potensum	16.02	27.03	01.05
2	A. stibitatum	20.02	04.04	08.04
3	A. suvarovii	19.01	03.03	20.04
4	A. cristophi	15.02	20.03	01.05
5	Eremecus lgae	22.02	29.03	15.05
6	E. regelii	20.02	27.03	10.05
7	E. robustus	29.02	20.03	01.05
8	Daucus carata	20.03	24.04	22.05
9	Salvia vigrata	21.03	24.04	20.05
10	Achillia filipendulina	01.03	28.04	01.06

Allium potensum, A.stibitatum, A.suvarovii, A.cristophi, Eremecus lgae, E.Regelii ва *E.Robustus* турлари бошқа турларга нисбатан вегетатцияси эрта бошланиб, ғунчалаш даврида катта фарқ кузатилмади. *A.stibitatum, A.suvarovii,* турлари саккизинчи ва йгимранча апрелда гуллаган бўлса, *Allium potensum* тури биринчи майда гуллашни бошлади. *Daucus carata, Salvia vigrata, Achillia filipendulina* вегетатцияси бир оз кеч бошланган бўлсада, май ойининг оҳири *Daucus carata* ва *Salvia vigrata,* июн ойининг бошларида *Achillia filipendulina* тўлиқ гуллаши кузатилди.

ТЕХНОЛОГИЯ ПОЛУЧЕНИЯ СОЕВОГО БЕЛКОВОГО ИЗОЛЯТА

Овлакулов С.Т., Каршиев Т.О., Зокиров Б.У

Ташкентский химико-технологический институт
00011, Узбекистан, г.Ташкент, ул. Навоий, д. 32.
tolibk_uz@mail.ru

В настоящее время одной из наиболее актуальных проблем является продовольственная. Важнейшим из компонентов питания, составляющих основу процессов жизнедеятельности человека, является белок. Недостаток белков в питании нарушает динамическое равновесие метаболических процессов с участием белков, сдвигая его в сторону преобладания распада собственных белков клетки, что приводит к истощению организма.

Соя - важнейшая белково-масличная культура мирового значения. Ее семена содержит в среднем 37-52% белка, 19-22% масла и до 30% углеводов; вегетативная масса, убранная в фазу налива бобов, богата белками (16-18%), углеводами и витаминами.

По аминокислотному составу протеин сои близок к белку куриных яиц, а масло относится к легкоусвояемым и содержит жирные кислоты, не вырабатываемые организмом животных и человека. Кроме того, соевые белковые концентраты и изоляты могут использоваться в качестве ингредиентов в производстве традиционных белковых продуктов питания.

Таблица 1.

Формы и химический состав соевых пищевых препаратов

Наименование	Массовая доля, %				
	Влага	Жир	Углеводы	Белок	Зола
Соевая мука	6,2-9,1	1,7-6,2	29,3-31,2	49,8-53,6	5,1-7,3
Соевый концентрат	4,2-8,2	1,6-2,2	21,3-23,4	62,2-70,4	6,9-8,3
Соевый изолят	5,3-7,1	0,4-1,1	-	85,5-90,2	4,2-6,6

После завершения исследования и экспериментального анализа получены пищевые формы соевого белка: обезжиренная соевой муке массовая доля белка 50%, соевых концентратах - 70%, соевые изоляты - имеют до 90%

(табл.1.), которые весьма эффективны при использовании их в качестве заменителя сырья в натуральных мясных продуктах и при создании искусственных мясных изделий. Последовательности получения соевого белкового изолята включает: 1. Экстракцию; 2. Осаждение и нейтрализацию белкового компонента при определённых условиях pH с последующей распылительной сушкой продукта.

Промышленная технологическая схема получения соевого изолята методом **щелочной экстракции** обычно включает следующие операции: 1. Растворение протеина, содержащегося в обезжиренном соевом лепестке; 2. Разделение суспензии с удалением нерастворимого остатка шрота с помощью центрифуги и осветление экстракта с выделением шлама; 3. Осаждение протеина 10% соляной кислотой с образованием творожистой массы в результате выпадения (при pH 4,2 - 4,5) в осадок большей части белка; 4. Отделение сыворотки от концентрированной суспензии белка центрифугированием; 5. Промывку сгущенной, белковой суспензии водой с отделением промывной воды при повторном концентрировании с помощью центрифуги; 6. Нейтрализацию сгущенной суспензии 5% NaOH до исходного pH 6,8; 7. Распылительную сушку нейтрализованной белковой суспензии при температуре на входе в сушилку 157 ^{0}C, а на выходе - 86 ^{0}C; 8. Упаковку сухого белкового изолята.

Примерный состав соевых белковых продуктов, представленный по соевым белкам, приведен в табл. 2.

Таблица 2

Показатель	**Типовой состав сойвых белковых продуктов, %**		
	Обезжиренная мука и крупа	Концентраты белка	Изоляты белка
Сырой протеин Nx6,5	52-58	64-73	90-92
Сырой жир	0,5-1,1	0,6-1,2	0,5-1,0
Сырая клетчатка	2,7-3,8	3,6-5,3	0,1-0,2
Зола	5,2-6,6	4,2-6,7	4,2-5,5
Влажность	6,1-8,2	4,2-6,3	4,2-6,3
Углеводы	32,5-34,6	20,2-22,5	3,5-4,5

В промышленных технологиях получения соевых белков существуют свои "ноу-хау. Количество комбинаций способов выработки различных продуктов безгранично. Даже при производстве одного вида продукта технологии и оборудование у разных производителей отличаются, что обусловливает небольшие отличия продуктов.

ОПРЕДЕЛЕНИЕ ВЛИЯНИЯ ПОВЫШЕННЫХ КОНЦЕНТРАЦИЙ ХЛОРИДА НАТРИЯ НА ПРОЦЕСС КЛУБНЕОБРАЗОВАНИЯ ПРИ КУЛЬТИВИРОВАНИИ КАРТОФЕЛЯ *IN VITRO*

Сабирова М.Ш., Насырова Г.Б., Собирова Ф., Мавлонова Ш., Холмуратов Э.Г.
Институт биоорганической химии им. акад. А.С. Садыкова АН РУз
100125, Узбекистан, г. Ташкент, ул. Х. Абдуллаева, д. 83
biorast50@mail.ru

Известно, что картофель в большей степени, чем другие сельскохозяйственные культуры реагирует на содержание солей в почве. На данный момент возможность производить картофель на засоленных почвах является актуальной проблемой. Важно иметь в сельскохозяйственном производстве сорта картофеля, которые могут быть наиболее продуктивными на засоленных почвах. В связи с этим определялось влияние повышенных концентраций NaCl на процесс клубнеобразования у различных генотипов картофеля при культивировании in vitro.

Всего в эксперименте было использовано 36 линий картофеля из биотехнологической коллекции ИБОХ АН РУз.

Для определения влияния повышенных концентраций NaCl на процесс клубнеобразования использовали следующий подход:

Средняя часть исходных растений – средний узел с одним листом и одной латеральной почкой, высаживалась на 4 варианта сред:

1. Контроль (стандартная среда для микроразмножения и индукции процесса клубнеобразования)
2. Контроль + 50 мМ NaCl
3. Контроль +100 мМ NaCl

4. Контроль + 150 мМ NaCl

Экспланты на этих вариантах культивировались в течение 28 дней.

Через 28 дней культивирования у развившихся из эксплантов растений срезали апикальную и среднюю части, а прикорневую часть оставили на средах того же состава для индукции процесса клубнеобразования.

Прикорневую часть в течение 20 дней культивировали при фотопериоде 16:8 (день: ночь), после чего убрали в полную темноту.

Количество образовавшихся микроклубней и их общий вес определяли на 120-й день культивирования.

В результате было определено, что уже концентрация 50мМ NaCl влияет на процесс клубнеобразования. В присутствии этой концентрации линии L-6, L-7, L-10, L-16, L-17, P-4, P-5, P-7, P-8, P-10 не образовывали микроклубней (в контроле все линии образовывали микроклубни).

В присутствии 100мМ NaCl образовывали микроклубни линии C-5, C-17, L-2, L-3, L-4, L-15, P-2, P-3, P-6, P-9.

В присутствии самой высокой концентрации NaCl - 150мМ, способными образовывать микроклубни оказались только два клона C-17 и L-4.

Таким образом, было показано влияние повышенных концентраций NaCl на процесс клубнеобразования у картофеля in vitro и определено, что концентрация NaCl 100 мМ может быть наиболее оптимальной для отбора генотипов на устойчивость к засолению.

СОЗДАНИЕ НОВЫХ БИОТЕХНОЛОГИЧЕСКИХ ЛИНИИ ПШЕНИЦЫ С ПОМОЩЬЮ RNAi ТЕХНОЛОГИИ

Султонова Ш.А., Убайдуллаева Х.А., Буриев З.Т.

Центр Геномики и биоинформатики АН РУз
111215, Республика Узбекистан, Ташкентская область, Кибрайский район,
ул. Университетская, 2
shsultonova@genomics.uz

Пшеница является одним из наиболее важных зерновых культур для Узбекистана, которая возделывается на обширных территориях республики.

Однако пшеница имеет свои проблемы в производстве и маркетинге. Это, в первую очередь, связано с низким качеством муки местных сортов пшеницы из-за некоторым неблагоприятным экологическим факторам. Для ускоренного решения проблем зерноводства возникла потребность внедрять в селекцию зерновых культур новые молекулярные технологии, которые доступны в настоящее время. К числу таких методов относится RNAi-технология, которая, ожидается, быть успешной в случае с пшеницей.

RNAi- технология [2-3] позволяет использовать широкий круг генов повышающих устойчивость, выделенных из разных видов растений и микроорганизмов, для создания трансгенных растений, которые приобретают заранее спланированные свойства устойчивости к стрессам.

Была проведена *in planta* [1] трансформации различными конструкциями в зрелые зародыши пшеницы нами использованы сорта «Бардош», «Ок марварид», «Сангзар-8» и «Bob white» пшеницы с использованием репортерного *gus*- гена; в лаборатории центра Геномики и биоинформатики АН РУз разработано ген-нокаутные конструкции: вектор pHG-8_CON, предназначенный для супрессии генов *con*, участвующих в репродукции - образовании конидий у гриба желтой ржавчины.

Для получения проростков пшеницы используемых для трансформации семена нужных сортов стерилизовали замачиванием в 70% этаноле (5 мин) и гипохлоритом натрия (3,0%, 10 мин). Затем семена промывались стерильной воде (dH_2O) и высаживались на увлажненную фильтровальную бумагу в чашки Петри при 22°C в течение 1 дня. Для проведения трансформации использовались суточные проростки пшеницы. У основания каждого проростка делалось по 2-3 микро надреза и на эту зону наносилась агробактерия содержащая определенную конструкцию. Затем эти проростки помещались в стерильных контейнерах в темное место при 22°C на 72 часа для прохождения процесса трансформации. Через 72 часа помещали трансформированные проростки в раствор цефотаксима 250 мкг/л на 2 часа. Затем проростки несколько раз промывались стерильной воде (dH_2O) и

помещались в стерильные высокие контейнеры с водой и содержались в холодильнике при температуре $+4^0$ С в течение 21 дня. Через 21 дней трансформированные проростки пшеницы высаживаются в горшки в почву. В процессе вегетации получаются T_1 поколение растений пшеницы. Вследствие чего будут получены трансгенные генотипы пшеницы. Теоретически такие генотипы пшеницы несущие в себе инвертированные последовательности щпилечной RNAi генома желтой ржавчины будут продуцировать в клетках пшеницы двухцепочечные специфичные для ржавчины РНК, которые будут подавлять желтую ржавчину при ее проникновении в пшеницу. Это позволит получить новые растения пшеницы, непроницаемые для стрессов. Так как мы будем использовать специфичные от болезней растений последовательности, то RNAi дуплексы не нанесут ущерб развитию растений пшеницы, а из-за использования супермалого фрагмента нуклеотидной последовательности гриба, не продуцирующего белок, не возникнет проблем с использованием такой трансгенной пшеницы для питания человека и животных. Это будет высоко экологичным продуктом.

Литература:

1. Supartana P., Shimizu T., Nogawa M., Shioiri H., Nakajima T., Haramoto T., Nozue T., Kojima M. Development of simple and efficient in planta transformation method for wheat (Triticum aestivum L.) using Agrobacterium tumefaciens // Journal of Bioscience and Bioengineering. – 2006. – Vol. 102, № 3. – P. 162– 170.
2. Zhao T., Zhao S., Chen H., Zhao Q., Hu Z., Hou Z., Xia Z. Transgenic wheat progeny resistant to powdery mildew generated by Agrobacterium inoculum to the basal portion of wheat seedling // Plant Cell Rep.– 2006. – Vol. 25. – P. 1199–1204.
3. HerveVaucheret, Post-transcriptional small RNA pathways in plants: mechanisms and regulations .Genes Dev. 2006 20: 759-771.

КОНТРОЛИРУЕМОЕ РЕВЕРСИВНОЕ ИНГИБИРОВАНИЕ ПРОЦЕССА ПРОРАСТАНИЯ МИКРОКЛУБНЕЙ КАРТОФЕЛЯ, ПОЛУЧЕННЫХ *IN VITRO*

Холмуратов Э.Г., Насырова Г.Б., Сабирова М.Ш., Сатывалдиева Н., Эдилова Г.Э.

Институт биоорганической химии им. акад. А.С. Садыкова АН РУз
100125, Узбекистан, г. Ташкент, ул. Х. Абдуллаева, д. 83
biorast50@mail.ru

Микроклубни картофеля, полученные в условиях in vitro, отличаются, по сравнению с клубнями, полученными в грунте, мелкими размерами. Так средняя масса микроклубня, при массовом производстве, составляет 100-350 мг, что обуславливает возникновение проблем при их хранении, такими как потеря веса и неконтролируемое преждевременное прорастание. Помимо мелких размеров микроклубни также характеризуются наличием всего одного, максимум трех глазков. При хранении микроклубней в условиях холодильника требуется постоянный визуальный контроль материала с целью предотвращения инфицирования микроорганизмами. Температурный перепад при выводе материала из условий холодильника в обычные комнатные условия инициирует процесс прорастания микроклубней, который невозможно контролировать. Следует отметить, что интенсивное освещение при хранении также тормозит процессы роста и развития, но не предотвращает потерю веса, при повышенной влажности, не смотря, ни на какие другие факторы, также происходит быстрое прорастание. Необходимо обратить внимание на то, что в связи с удалением проростка с микроклубня – прием допустимый по отношению к нормальным клубням, применяемый с целью удлинения периода хранения, формирование новых проростков или не происходит, или тормозится на длительное время, причем при этом жизнеспособными остаются не более 30% микроклубней. Чаще всего применение подобного приема по отношению к микроклубням приводит к невосполнимой потере самих микроклубней.

В связи с этим цель данной работы – разработка способа, позволяющего обратимо ингибировать процесс прорастания и сохранить биомассу микроклубней, полученных *in vitro*.

В работе использовали микроклубни различных генотипов полученные in vitro, из биотехнологической коллекции ИБОХ АН РУз, находящиеся на различных стадиях периода покоя, не проинициированные к росту и имеющие проростки на разных стадиях развития. В качестве ингибиторов роста использовали аравийскую камедь (АК), карбоксиметилцеллюлозу (КМЦ) и желатин в концентрациях от 5 до 20%.

В результате экспериментов было определено, что использование АК в 10%-й концентрации, позволяет снизить потерю веса микроклубней, независимо от их размеров, от 50 до 80% в зависимости от стадии их прорастания при хранении в сухих условиях при комнатной температуре. Обработка микроклубней КМЦ и желатином, даже в низких концентрациях, приводит к некрозу микроклубней. Обработка микроклубней 10% концентрацией АК позволяет продлить срок хранения микроклубней от 2 до 8 месяцев в зависимости от стадии их прорастания, причем обработанные микроклубни могут быть адаптированы к грунту по мере необходимости независимо от срока хранения. Также было установлено, что помещение обработанных АК микроклубней перед высадкой в грунт в 10%-й раствор глицерина позволяет от 30 до 50% (в зависимости от срока хранения) интенсифицировать процесс роста проростков грунте.

ПРОБИОТИКЛАРНИ ОЗИҚ-ОВҚАТ САНОАТИДА ҚЎЛЛАШ

Чориев А.Ж., Ортикова М.Ж., Артикова Р.М.,

Тошкент кимё–технология институти
100011, Ўзбекистон, Тошкент, Навоий кўчаси 32-уй,
tkti_info@edu.uz

Пробиотик микроорганизмлар – патоген, захарли бўлмаган микроорганизмлар бўлиб, инсон организмига озиқ-овқат билан тушади ва фойдали таъсир кўрсатади, ишқозон ичак тизими микрофлорасининг тариби ҳамда биологик фаоллиги нормаллаштиради.

Озиқ-овқат саноатида пробиотикларни 3 гуруҳга бўлиш қабул қилинган:

1.Тиббиёт пробиотиклари – микробиологик препаратлар бўлиб, таркибига фойдаланишга аниқ кўрсатмага эга тирик микроорганизмлар штаммлари киради.

2.Пробиотик биологик фаол моддалар – дорихона тармоқлари орқали тарқатиладиган, фармацевтик корхоналарда тайёрланадиган, биологик фаол моддалар сифатида озиқ-овқат махсулотларига қўшимча сифатида фойдаланиладиган тирик микроорганизмлар асосидаги комплекс препаратлар.

3.Алиментар пробиотиклар – тирик микроорганизмлар билан бойитилган овқатланишдаги қўшимча озиқ-овқат маҳсулотлари (сут, гўшт, кондитер махсулотлари, ёғ-мой, ичимликлар).

Функционал озиқланишнинг замонавий концепциясига биноан озуқа фақат асосий озиқ моддалар манбаи бўлиб қолмай, шунингдек организм учун зарур бўлган бошқа субстанцияларнинг ҳам доимий равишда соғлом инсонлар истеъмол қилишнинг, организм учун безарарлигининг клиник самараси ҳам тасдиқланган.

Дунё миқёсида доимий равишда қўлланишнинг кенг спектрига эга, шунингдек аниқ орган, тизим, ҳамда касалликларни даволашга йўналтирилган функционал озиқланишнинг янги маҳсулотларини яратиш ишлари жадал олиб борилмоқда. Масалан бугунги кунда озиқ-овқатнинг етакчи тенденцияси – бу

физиологик функционал озиқавий инградиентлар, шу жумладан пробиотиклар билан бойитилган тайёр озиқ-овқат махсулотларини истеъмол қилишдир.

Пробиотиклар инсон иммун тизимига ёрдам бериб, шамоллаш, грипп, ичак шамоллаши, аллергия ва диарея касалликларининг олдини олади, касалликдан сўнг организмнинг қайта тикланишини тезлаштиради. Асосийси – улар овқат ҳазм қилиш тизими соғлом бўлишида муҳим ўрин тутади. Носоғлом ҳаёт тарзи, ҳаяжонланиш, нотўғри овқатланиш мувозанатнинг бузилиши ва зарарли бактериялар пайдо бўлишига олиб келадиган сабаблардандир.

Пробиотикларни ишлатиш бўйича етакчи ўринни сут саноати сохаси эгаллаб келмоқда. Турли ширинликларда, музқаймоқлар, қуруқ нонушталар ва қуруқ оқсиллар аралашмаларида пробиотиклардан фойдаланиш ривожланиб бормоқда.

Сўнгги вақтларда фермантацияланган (хомдудланган, хомқотирилган) колбасаларни пробиотиклар билан бойитиш тенденцияси ҳам кузатилмоқда . Олиб борилган илмий тадқиқотлар натижаларига кўра аниқланишича, гўшт қиймаси пробиотикларнинг ривожланиши учун қулай мухит ҳисобланади. Қиймага пробиотик бактериялар аралаштирилганда 6 соатдан сўнг тирик ҳужайралар сони сезиларли даражада ортгани кузатиш мумкин. Шунингдек пробиотик бактериялар қайнатиб дудланган колбасалар ишлаб чиқаришда фойдаланилганда биокимёвий жараёнлар боришини тезлашгани, тиндириш жараёнинг жадаллашгани, сут ва учувчан ёғ кислоталар, эркин аминокислоталар миқдорининг ошганлиги ва колбасанинг таъми ва ҳиди яхшиланганлиги аниқланди. Шунингдек пробиотиклардан фойдаланилганда колбаса ишлаб чиқаришда қўшиладиган нитритнинг миқдорини 40%га камайтириш мумкин экан.

Колбасага биотехнологик усулда хомашёга билан ишлов бериш натижасида махсулотнинг органолептик, физ-кимёвий, структравий-механик, микробиологик тавсифи ва тайёр махсулотнинг биологик қийматини оширишга хизмат қилади.

ВЛИЯНИЕ УСЛОВИЙ ВЫРАЩИВАНИЯ НА УРОЖАЙНОСТЬ СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННЫХ РАСТЕНИЙ

Шарафутдинова Н.П., Мирзаева Д.А., Мирхўжаева М.У.

Ташкентский химико-технологический институт
100011, г. Ташкент, улица Навои, д. 32

На пороге третьего тысячелетия мировое сообщество старается уделять особое внимание нерешенным задачам, среди которых немаловажное место принадлежит мировой продовольственной проблеме.

Продовольственная проблема родилась одновременно с появлением человека и по мере его развития меняла свои черты и масштабы, превратившись во второй половине XX века в мировую.

Нехватка продовольствия является одной из важных и острых глобальных проблем человечества, поскольку она непосредственно относится к самому физическому существованию людей.

Обострение мировой продовольственной проблемы в XXI веке обусловлено главным образом более высокими темпами роста населения по сравнению с темпами роста производства продовольствия и резким сокращением таких основных ресурсов, как земли пригодные для пашни, запасы пресной воды, источники энергии, необходимые для производства сельскохозяйственной продукции.

Увеличение среднего роста людей. Улучшение питания детей и молодежи в развивающихся странах приводит к увеличению среднего роста на 1 см за 10 лет. За счет этого фактора мировые потребности в продовольствии увеличатся к 2050 году на 1,4%, в том числе в странах Восточной Азии - на 2,8%.

Применение минеральных удобрений и ядохимикатов ведет к заражению почвы, воды, воздуха и продуктов питания, что приводит к болезням людей.

Традиционная агротехника, применяемая большинством садоводов, очень трудоемкая. Тем не менее, все эти проблемы достаточно легко решаются, если вместо традиционного земледелия применяется природное. Такая агротехника не только сохраняет, она еще и восстанавливает

плодородие почвы. Следствием является повышение урожайности садовых культур. Минеральные удобрения не применяются, что сохраняет чистоту природы и сохраняет здоровье человека. Ряд садовых операций в природной агротехнике применяется реже, чем при традиционной. А некоторые в ней совсем отсутствуют. Все это снижает трудоемкость обработки земли и ухода за растениями.

Чтобы исправить это – вместо минеральных подкормок используют перегной, золу, навоз, настой трав и т.д. Большинство людей за чистый экологический продукт.

С каждым годом уменьшается посевные площади для получения урожая. Почва истощается, если её использовать без отдыха и без внесения в почву минеральных удобрений. В сельском хозяйстве не секрет, есть такой способ где, посевные площади постоянно меняют, сначала сеют на одном поле, потом на втором. Это создают некоторые неудобства, так как приходится целый год или даже два года ждать пока земля отдохнет, обогатится минералами и снова будет пригодной для сельскохозяйственных нужд. Для проведения данного эксперимента мы взяли различного рода сельскохозяйственные растения, как помидоры, огурцы, баклажаны, картошку, тыкву и т.д. Рассады всей сельскохозяйственных растений мы непосредственно посадили в полиэтиленовые мешки, в которых находится приготовленная нами обогащенная почва, содержащая все необходимые микро и макроэлементы. В основу почвы взяли натуральное сырье –это навоз, который прошел предварительную мойку и сушку. Проблема прополки грядок разрешается навсегда: в мешках сорняки практически не заводятся. Мешки размешенные на подставке не подвергаются никаким подземным вредителям и не нанносят ущерб урожаю

Такие же условия для выращивания тех же сельскохозяйственных растений на почве были созданы на другом участке. Все образцы, выращенные в полиэтиленовых мешках и на почве, сравнили и получили следующие результаты.

Исследования проводили в течении 7 дней. Исследования проводили с мешках с саженцами, где в первой партии мешки были с обычной почвой, а другая с обогащенной почвой и проверяли всходы. По проделанной работе можно сделать вывод, что всходы в мешках с обогащенной почвой всходы взошли на 80%, чем в мешках с обычной почвой.

Как видно из исследований , количество всходов в обычной почве очень маленькое, по сравнению с всходами в обогащенной почве. Из этих данных можно сделать вывод, в горных районах, где отсутствуют плодородные почвы, можно получить хороший урожай овощей. Важное преимущество этого способа выращивания культур состоит в том, что он позволяет экономично использовать плодородную почву. Если мы не можете похвастаться хорошим грунтом на участке, достаточно наполнить несколько мешков качественной почвосмесью.

Литература:

1. Т.Биггс Овощные культуры
2. Л.М. Шульгина Теплицы и парники
3. Конструкции и материалы. Агротехнические приемы. Рекомендуемые сорта. Высокие грядки. Три урожая за сезон.