RESPUBLIKA ILMIY ANJUMANI
16 - may 2024 yil

GENETIKA, GENOMIKA VA BIOTEXNOLOGIYANING ZAMONAVIY MUAMMOLARI

CURRENT ISSUES IN GENETICS, GENOMICS AND BIOTECHNOLOGY

REPUBLICAN SCIENTIFIC CONFERENCE
16 May 2024

O‘ZBEKISTON RESPUBLIKASI FANLAR AKADEMIYASI
GENOMIKA VA BIOINFORMATIKA MARKAZI

GENETIKA, GENOMIKA VA BIOTEXNOLOGIYANING ZAMONAVIY MUAMMOLARI

RESPUBLIKA ILMIY ANJUMANINING TEZISLAR TO‘PLAMI

16 may 2024 yil

****

АКАДЕМИЯ НАУК РЕСПУБЛИКИ УЗБЕКИСТАН
ЦЕНТР ГЕНОМИКИ И БИОИНФОРМАТИКИ

СБОРНИК ТЕЗИСОВ
РЕСПУБЛИКАНСКОЙ НАУЧНОЙ КОНФЕРЕНЦИИ

СОВРЕМЕННЫЕ ПРОБЛЕМЫ ГЕНЕТИКИ, ГЕНОМИКИ И БИОТЕХНОЛОГИИ

16 мая 2024 года

Toshkent – 2024 yil

Tashkiliy qo‘mita:

Buriyev Z.T. - tashkiliy qo‘mita raisi.
Ayubov M.S. - tashkiliy qo‘mita a’zosi
Shermatov Sh.E. - tashkiliy qo‘mita a’zosi
Imamxodjaeva A.S. - tashkiliy qo‘mita a’zosi
Kamburova V.S. - tashkiliy qo‘mita a’zosi
Ubaydullaeva X.A. – tashkiliy qo‘mita a’zosi
Makamov A.X. - tashkiliy qo‘mita a’zosi
Norbekov J.K. - tashkiliy qo‘mita a’zosi
Salaxutdinov I.B. - tashkiliy qo‘mita a’zosi
Radjapov F.S. - tashkiliy qo‘mita a’zosi
Avezmatov T.K. - tashkiliy qo‘mita a’zosi
Yusupov A.N. - tashkiliy qo‘mita a’zosi
Muxammadaliyev R.I. - tashkiliy qo‘mita a’zosi

Tahririyat jamoasi:

Ayubov M.S. Rais. Ilmiy ishlar bo‘yicha direktor o‘rinbosari, PhD.
Kamburova V.S. Laboratoriya mudiri, b.f.d.
Salaxutdinov I.B. Laboratoriya mudiri, b.f.n.
Shermatov Sh.E. Ilmiy kotib, b.f.n.
Imamxodjaeva A.S. Laboratoriya mudiri, b.f.n.
Ubaydullaeva X.A. Laboratoriya mudiri, b.f.d.
Makamov A.X. Laboratoriya mudiri, PhD.
Xusenov N.N. Bo‘lim mudiri, PhD.
Norbekov J.K. Laboratoriya mudiri, PhD.
Usmonov D.E. Laboratoriya mudiri, PhD.
Radjapov F.S. Kichik ilmiy xodim, PhD.
Muxammadaliyev R.I. Tayanch doktorant

To‘plam Markaz Ilmiy kengashining qarori bilan nashrga tasdiqlangan (2024 yil 16-apreldagi 4-son bayonnoma).

O‘zR FA Genomika va bioinformatika markazi. 2024 yil.

Qadrli hamkasblar,

“Genetika, genomika va biotexnologiyaning zamonaviy muammolari” anjumanining tezislar to‘plamini sizga katta mamnuniyat bilan taqdim etamiz. Tahririyat hay’ati a’zolari sifatida ilm-fanning ushbu asosiy yo‘nalishlari bo‘yicha olimlarni birlashtirgan platformani taqdim etish biz uchun sharafdir.

Ma’lumki, genetika, genomika va biotexnologiya innovatsiyalar va kashfiyotlar boshida turadi. Bizning anjumanimiz tadqiqotchilar, olimlar va amaliyotchilarga fikr va bilimlar bilan almashish, shu bilan birga kelajak avlod uchun yo‘nalishni belgilash uchun joy bo‘lib xizmat qiladi.

Taqdim etilgan tezislar ilg‘or tadqiqot natijalaridan tortib amaliy qo‘llashgacha bo‘lgan keng doiradagi mavzularni ifodalaydi. Har bir tezis izlanuvchining tadqiqot yangiliklarini va tinimsiz ilmiy yuksaklikka intilishni o‘zida mujassam etgan.

Akademik nutqning tashuvchisi sifatida biz barcha mualliflarga bebaho hissalari uchun chuqur minnatdorchiligimizni bildiramiz. Sizning bilim chegaralarini olg‘a siljitishga bo‘lgan sadoqatingiz barchamizni ilhomlantiradi va tub o‘zgarishlarga poydevor qo‘yadi.

Shuningdek, o’z jamoaviy sa’y harakatlari bilan ushbu anjumanni tashkil etishini ta’minlagan tashkiliy qo‘mita, taqrizchilar va ishtirokchilarga o‘z minnatdorchiligimizni bildiramiz.

To‘plam hamkorlik, innovatsiyalar va mazmunli muloqot uchun muhim manba bo‘lib xizmat qilsin. Ilm-fanni rivojlantirish va fanlarimizning kelajagini shakllantirishga sodiqligingiz uchun tashakkur.

Hurmat bilan,

Tahririyat jamoasi

KIRISH

Genomika va biotexnologiya zamonaviy biologiya fanining ikki asosiy ustuni bo'lib, ularning keng qamrovli ta'siri inson faoliyatining turli jabhalarini qamrab oladi. Biotexnologik innovatsiyalar qishloq xo‘jaligida global oziq-ovqat xavfsizligi va barqaror qishloq xo‘jaligi amaliyotlarini olib borishni izlashda bebaho vositaga aylandi. Genetik muhandislik ekinlarning hosildorligini, stressga chidamliligini oshirishga va iqlim o'zgarishining injiqliklarini yengishga yordam berdi. Gen injeneriyasi usullarini qo‘llash orqali ekinlarning turli kasallik va stressga chidamli bo’lgan, hosildorligi yuqor nav va tizmalar olish imkoniyatini yaratadi. Genomika va biotexnologiyani zamonaviy usullari yordamida yaratilgan ishlanmalar butun dunyo oziq-ovqat sanoati va ishlab chiqarish tizimlari oldida turgan ulkan muammolarni hal etishda alohida ahamiyat kasb etadi.

Shuningdek, tibbiyot sohasida inson genomini o’rganishga oid tadqiqotlar personallashgan tibbiyot davrini boshlab berdi. Bu esa tashxis qo’yish, davolash va kasalliklarning oldini olish strategiyalarida inqilob qildi. Genomik kashfiyotlar tufayli zamonaviy tibbiyot shifokorlarga terapevtik intervensiyalarni individual genetik profillarga moslashtirish, samaradorlikni oshirish va nojo'ya ta'sirlarni kamaytirish imkonini berdi. Bundan tashqari, rivojlanib borayotgan farmakogenomika sohasi irsiy o‘zgaruvchanlik va dori reaktsiyasi o‘rtasidagi murakkab munosabatlarni ochib berishda katta istiqbolga ega bo’lib u paradigmani maqsadliroq va samarali farmakoterapiya tomonga o‘zgarishini bildiradi.

Bundan tashqari, genomika va biotexnologiya o‘rtasidagi simbiotik munosabatlar inson salomatligi va qishloq xo‘jaligi samaradorligidan tashqariga chiqib, iqtisodiyotning turli tarmoqlariga kirib borib turli sohalarda innovatsiyalarni tezlashtirmoqda. Misol uchun, sanoat biotexnologiyasi sohasida mikroorganizmlar bioyoqilg‘i, biopolimerlar va biologik faol moddalar ishlab chiqarish uchun

biofabrikalar sifatida ishlatiladi. Bu esa barqaror ishlab chiqarish sohasida yashil inqilob haqida xabar beradi.

Xuddi shunday, rivojlanib borayotgan sintetik biologiya sohasida tadqiqotchilar gen muhandisligi tamoyillaridan foydalanib, misli ko‘rilmagan funktsionallikka ega yangi biologik tizimlarni ishlab chiqish, qayta tiklanadigan resurslar va ekologik toza ishlab chiqarish jarayonlari bilan ajralib turadigan bioiqtisodiyotga yo‘l ochishmoqda.

Ushbu transformatsion yutuqlar va oldinda kutilayotgan cheksiz potentsial nuqtai nazaridan, genetika, genomika va biotexnologiyaning dolzarb masalalari atrofida munozaralar o‘tkazishning ahamiyati yuksakdir. Fanlararo muloqot va g‘oyalarni o‘zaro uyg‘unlashtirishni rag‘batlantirish orqali ushbu anjuman hayot sifatini yaxshilash va sayyoramizning qimmatli ekotizimlarini saqlab qolish uchun genomika va biotexnologiyaning kuchidan foydalanadigan sinergik hamkorlikni rag‘batlantirishga intiladi.

.

1. GENOMIKA, PROTEOMIKA VA BIOINFORMATIKA

G‘O‘ZAGA ABIOTIK OMILLARNING TA’SIRI BO‘YICHA OLIB BORILGAN MOLEKULYAR TADQIQOTLAR

Abdukarimov Sh.S., Usmanov D.E., Sobirov B.M., Mirzaxmedov M.X., Azimov A.A., Xusanbayeva Sh.R., Buriev Z.T.

O‘zR FA Genomika va bioinformatika markazi
O‘zbekiston, Toshkent viloyati, Qibray tumani, Universitet ko‘chasi, 2
e-mail: sharofiddinabdukarimov@gmail.com

Abiotik omillar – tirik organizmlarga tirik bo‘lmagan organizmlarning ta’siri. Abiotik omillar turlicha bo‘lib, ularga shamol, qurg‘oqchilik, sovuq, issiq harorat kabilar kiradi. O‘simliklarda ana shu omillarga chidamli bo‘lgan yangi navlarni yaratish muhim masalalar biri hisoblanadi.

G‘o‘za yer sharida tolasi uchun ekiladigan asosiy qishloq xo‘jaligi ekini hisoblanadi. Har yili turli abiotik va biotik omillar tufayli ularning hosili kamayib ketishi kuzatilmoqda. Buni oldini olish uchun, ushbu omillarga chidamli bo‘lgan yangi navlarni olishni taqozo etadi. Buning uchun esa, abiotik omillarga chidamlilikni ta’minlovchi genlar, QTL lokuslarni aniqlash kerak.

G‘o‘zada abiotik omillarga javob berishda qatnashuvchi genlar aniqlangan bo‘lib ulardan biri *VQ* (Valine-glutamine) genlar oilasi hisoblanadi. Bu genlar *G.hirsutum* va *G.barbadense* da 89 tadan *G.raimondii* va *G.arboretum* da 45 tadan o‘rganilgan. *GhVQ37, GhVQ59* va *GhVQ83* genlar tuzli va qurg‘oqchilik stressida qatnashadi. *GhVQ* va *GbVQ* lar harorat stressida ham muhim rol o‘ynashi aniqlangan. Bundan tashqari bu genlar o‘sish va rivojlanishda ham ishtirok etadi.

G‘o‘zaning qurg‘oqchilik stressiga chidamliligini oshirish uchun transkriptsiya omillari muhim hisoblanadi. Ushbu omillarning genlari yordamida o‘simliklarning qurg‘oqchilikka chidamliligini oshirish mumkin. *bZIP* (basic leucine zipper domain) omilining *GhABF2* geni Arabidopsis va g‘o‘zada qurg‘oqchilik va tuzga chidamliligini

oshirishda, *MYB* (myeloblastosisrelated proteins) omilining *GbMYB5* geni g‘o‘zada qurg‘oqchilik stressiga javob berishda qatnashadi.

G‘o‘zada stress omillarga chidamlilikda gormonlar ham muhim ahamiyatga ega. Ulardan absisik kislota (ABA) stressga javob berish, rivojlanish va ko‘payishda qatnashadi. Qurg‘oqchlik yuzaga kelganda absisik kislota sintezini qo‘zg‘atadi. Qurg‘oqchilik, tuz va sovuq stresslar tufayli kelib chiqqan muhim genlar to‘plami ham ABA tomonidan faollashtiriladi. Jasmon kislotasi (JA) esa, o‘simliklarning o‘sishi va rivojlanishidan tashqari, ildiz o‘sishi, meva pishishi, paychalarining o‘ralishi va yashovchan gulchang ishlab chiqarishda ham ishtirok etadi.

G‘o‘zada abiotik stresslarga javob beruvchi genlardan tashqari bir qancha QTL (quantitative trait loci – miqdoriy belgilar lokuslari) lar ham aniqlangan. G‘o‘zaning 5, 8, 9 va 16-xromosomalarida qurg‘oqchilikka aloqador bo‘lgan 4 ta QTL topilgan. Bundan tashqari qurg‘oqchilik sharoitida 67 ta, normal sug‘orish sharoitida 35 ta QTL aniqlandi.

SNP markerlar yordamida o‘simliklarda stresslarga bog‘liq QTL larni aniqlash uchun ko‘plab tadqiqotlar olib borilgan. Phytogen 72 va Stoneville 474 navlarining RIL (rekombinant imbred liniyalar) populyatsiyalarining CottonSNP63K massivini genotiplab 7000 dan ortiq SNP larning bog‘lanish xaritasi yig‘ildi va miqdor o‘zgarishlari tahlil qilinib, 150 dan ortiq QTL lokuslar aniqlandi. Xuddi shu massivda tuzga chidamli va ta’sirchan genotiplardan foydalanib, 7087 ta polimorf SNP lokus olindi. Ulardan tuzga chidamlilik bilan bog‘liq 1804 ta SNP lokus tekshirilib, 1282 tasi g‘o‘za genomiga mos kelishi aniqlandi.

Aniqlangan lokuslar yordamida o‘simlikning qurg‘oqchilik va tuzli stressga chidamli bo‘lgan yangi navlarini olish imkonini beradi. Bunda esa, yuqoridagi abiotik stress sharoitlarida ham yuqori hosil olish mumkin bo‘ladi.

EFFECT OF ACE GENE ALU 287 (I/D) POLYMORPHISM ON THE RISK OF DEVELOPMENT OF HYPERTENSION DISEASE

Abdukhalimova S.A.[1], Kurmaeva D.N.[1], Nuriddinov Sh.Dj.[1], Alyavi B.A.[2], Uzokov J.K.[2], Abdullaev A.X.[2], Ibragimova Sh.N.[1], Nurmatova S.B.[1], Dalimova D.A.[1]

[1]Center of Advanced Technologies
Universite street 7, Almazor district, Tashkent, Uzbekistan
[2]Republican specialized scientifically-practical center of therapy and medical rehalitation state unitary enterprise
Osiyo Street 4, Yunusabad district, Tashkent city, Uzbekistan
e-mail: sanobar1395@gmail.com

An estimated 1.28 billion adults aged 30-79 years have hypertension worldwide, the majority of whom, two-thirds, live in low- and middle-income countries. About 46% of adults with hypertension do not know they have it.

Hypertension is high blood pressure, a long-term medical condition in which the pressure in the arteries is permanently elevated. Prolonged high blood pressure is a major risk factor for stroke, coronary heart disease, heart failure, peripheral artery disease, vision loss, and chronic kidney disease. Hypertension is the leading cause of premature death worldwide.

Hypertension is a polygenic disease associated with more than 150 genes. The renin-angiotensin system plays a key role in blood pressure regulation by maintaining sodium and water homeostasis. Studies of renin-angiotensin and its genes have shown an association with the development of cardiovascular diseases such as hypertension.

The angiotensin-converting enzyme gene, or ACE, which is part of the renin-angiotensin pathway, is linked to high blood pressure. The ACE gene encodes an enzyme that plays a critical role in the regulation of blood pressure and electrolyte balance. The main function of this enzyme is to convert angiotensin I to angiotensin II, a vasoconstrictor and aldosterone-stimulating peptide that regulates blood pressure and fluid and electrolyte balance. This enzyme inactivates bradykinin, thereby increasing blood pressure. Genetic polymorphisms in the ACE gene strongly influence serum ACE

levels and blood pressure. For example, one of the most common polymorphisms associated with enzyme activity is Alu287 (I/D) of the ACE gene, which causes a synonymous variant. As a result, it increases risk factors for hypertension, atherosclerosis, and obesity.

The aim of the study was to molecular genetic analysis of the Alu287 (I/D) polymorphism of the ACE gene predisposing to the development of cardiovascular diseases, including hypertension.

Venous blood samples from 51 patients with cardiovascular diseases were taken for the study. DNA was isolated from these blood samples by nucleosorption and PCR-amplification for the Alu287 (I/D) polymorphism of the ACE gene was performed. Genotyping of the DNA samples yielded the following results: II - 17 (33.3%), ID - 28 (54.9%), DD - 6 (11.76%) were identified. The frequency of occurrence of the I allele (normal) of the ACE gene was 60.78%, and the frequency of occurrence of the D allele (mutant) was 39.2%. Additional studies on the impact of the Alu287 (I/D) polymorphism have been conducted in various populations, including samples from Europe and Asia (2018), and found that this polymorphism increases the risk of hypertension. In addition, according to a study by Schuler et al. (2017), it was found that occurring II genotypes of the Alu287 (I/D) polymorphism in the ACE gene have a high risk of developing high blood pressure.

Thus, carriers of the ACE gene I allele have a high-risk factor for cardiovascular diseases, including hypertension. The prevalence of hypertension is increasing worldwide and is the cause of premature ageing of the population, stroke and the development of peripheral arterial diseases. Analysis of this polymorphism provides an opportunity for primary prevention of cardiovascular diseases, modification of risk factors, and early detection of high blood pressure. This allows early diagnosis, treatment and prevention of complications. In further studies, a large-scale study of the association of the ACE gene with diseases is planned.

MAHALLIY TOK (*VITIS VINIFERA* L.) NAVLARIGA ASOSIY ZARAR YETKAZUVCHI VIRUSLARNI ANIQLASH

Abdullaev A.N.

O‘zR FA Genomika va bioinformatika markazi
O‘zbekiston, Toshkent viloyati, Qibray tumani, Universitet ko‘chasi, 2
e-mail: adhamnomozovich@gimail.com

Dunyo bo‘yicha yetishtiriladigan uzum mevasi asosiy qismining 83 % i vino va sok tayyorlash uchun foydalanilsa, 12 % ga yaqini (xo‘raki navlar) yangiligida iste’mol qilinadi va faqat 5% i gina quritish (mayiz) uchun ishlatiladi. Bugungi kunda qishloq xo‘jaligida eksport import qilinadigan tok ko‘chatlari va mevalariga zarar yetkazuvchi virusli kasalliklar tok uchun muhim zararli omillardan biri xisoblanadi. Tok (*Vitis vinifera* L.) navlariga bir qancha viruslar zarar yetkazadi (1-jadval). Olib borilgan taqdiqotlarda mahalliy tok nihollariga asosiy zarar yetkazuvchi viruslardan to‘rttasi aniqlandi. Shulardan *GRSPaV* barglarda qizg‘ish dog‘ hosil qilib namoyon bo‘ladi. Barglar va o‘tkazuvchi to‘qimalarni zararlovchi virislardan *GLRaV*-2 va *GLRaV*-3 kabi viruslar bo‘lib, bularning barchasi fotosintez jarayonida o‘simlik oziqlanishiga to‘sqinlik qilib zarar yetkazadi. Natijada, mevalarni kichik hajmli bo‘lishi, kech pishib yetilishi va yetarlicha qand to‘playolmasligi kabi omillarni keltirib chiqaradi. Bundan tashqari *HSVd* virusi tokda ko‘p uchraydigan viruslardan biridir. Ushbu to‘rtta virus tokzorlarda uchraydigan asosiy zarar yetkazuvchi viruslar hisoblanadi va bu viruslar qolganlariga nisbatan kuchli zarar yetkazadi. Xususan *GRSPaV* virusi tokzorning 61 % ga zarar yetkazgan bo‘lib, *GLRaV*-2 va *GLRaV*-3 viruslari esa 13 % va 18 % ekanligi aniqlandi. Boshqa viruslar 0.001 % dan 0.1 % gacha bo‘lgan turli zararlanishlar aniqlandi. Ayrim viruslar tokda mavjud bo‘lsada virusga chidamli nav bo‘lib hosildorlikka zarar yetmagan. Mahalliy tok navlarini virusdan holi qilish, ularga qarshi kurashish choralarini ishlab chiqishning maqbul yo‘li *in vitro* usuli yordamida ko‘paytirishdir. Bu usul viruslardan holi bo‘lgan mikroo‘simliklar olish nav tozaligi va hosildor tokzorlarni saqlab qolishning asosiy yo‘lidir. Virus aniqlangan tokning uchki

meristema to‘qimalari ajratib olindi va laboratoriya sharoitida sterilizatsiya qilinib ozuqa muhitida ildizlatildi hamda o‘stirilgan eksplantlar *in vivo* sharoitiga moslashtirildi. *In vivo* sharoitiga moslashgan mikroo‘simliklarni molekulyar analiz qilinib, viruslardan holi ekanligi aniqlandi.

SARS COV-2 GENOMINI MUTATSIYALANISH JARAYONINING BIOINFORMATIK TAHLILI

Esirgapova M.T., Ayubov M.S.

O‘zR FA Genomika va bioinformatika markazi
O‘zbekiston, Toshkent viloyati, Qibray tumani, Universitet ko‘chasi, 2

Maqsadi: SARS-CoV-2 virusining genomik mutatsiyalarini aniqlash va tahlil qilish orqali, virusning tarqalish mexanizmlarini va kasallikning turli shakllarini yaxshiroq tushunish. Pandemiya davrida virus genominining mutatsiyalanishi va yangi shtammlarning paydo bo‘lishi virusning tarqalishi va kasallikning kechishi uchun muhim omil sifatida ko‘rib chiqiladi. Bioinformatika sohasidagi ilg‘or usullar yordamida SARS-CoV-2 genomining mutatsiyalanish jarayonini tahlil qilish orqali, virusning evolutsion dinamikasini aniqlashga qaratilgan tadqiqotlar muhokama qilishdan iborat.

Usullari. SARS Cov-2 genomining mutatsiyalanish jarayonining bioinformatik tahlil qilish uchun NCBI va GSAID bazasidan uning shtammlarini olib o‘zaro taqqoslashdan iborat. Bunda MEGA X avvalo shtammlarni filogeniyasi tuzib olinib so‘ngra mutatsiyalari aniqlanib o‘zaro taqqoslanadi.

Natija: Insonlarda uchraydigan koronaviruslar va SARS bilan bog‘liq koronaviruslarning evolyutsion munosabatlari haqidagi asosiy ma’lumotlarni o‘rganilib,. SARS-CoV-2 ning o‘nta shtamining vaqt seriyasi bo‘yicha tahlili o‘rganilmoqda. Biz o‘zimizning asosiy hissalarimizni umumlashtiramiz va ushbu tadqiqotning kelajakdagi ba’zi yo‘nalishlarini muhokama qilamiz.

Xulosa: Xulosa qilib aytganda, genomik tahlillar virusologiya sohasida katta yutuqlarga erishish imkonini beradi va ular SARS-CoV-2 virusining o‘rganilishi va unga qarshi kurashish strategiyalarining rivojlanishida asosiy ahamiyat kasb etadi. Biz barcha ketma-ketlikdagi asosiy mutatsiyalarni tahlil qilib, butun dunyo bo‘ylab olingan 10 ta shtammlar o‘rtasidagi farqni aniqlashni maqsad qildik. Buning uchun MEGA X da 10 ta virusli ketma-ketlik asosida maksimal ehtimollik usuli yordamida filogenetik daraxt tuzildi.

G‘O‘ZANING (*GOSSYPIUM HIRSUTUM* L) HASHAROTLARGA CHIDAMLILIK XUSUSIYATINI OSHIRUVCHI *SSA24* GENI KIRITILGAN GENETIK KONSTRUKSIYANI TRANSFORMATSIYAGA TAYYORLASH

Orifjonova U.A.[1,2], Ayubov M.S.[1], Ubaydullayeva X.A.[1],
Tashmuxamedova SH.S. [2], Murodov A.A. [1]

[1]O‘zR FA Genomika va bioinformatika markazi
O‘zbekiston, Toshkent viloyati, Qibray tumani, Universitet ko‘chasi, 2
[2]Mirzo Ulug‘bek nomidagi O‘zbekiston Milliy Universiteti
O‘zbekiston, Toshkent Shahar, Olmazor tumani, Universitet ko‘chasi, 4
e-mail: orifjonovaumidakhan@gmail.com

G‘o‘za o‘simligining mavjud to‘rt turi ya’ni *G.hirsutum* L, *G.barbadense*, *G. herbacium* va *G. arboretum* L. ga mansub g‘o‘za navlari jahon miqyosida keng dala maydonlarida yetishtiriladi. *G.hirsutum* L. turi va *G.barbadense* L.turi asosiy madaniy tur hisoblanib, dunyo bo‘ylab paxta yetishtiriladigan maydonlarning eng ko‘p qismini, ya’ni qariyb 90 % ni *G.hirsutum* L, 5 % qismini *G.barbadense* tashkil etadi. 80 dan ortiq davlatlar yiliga 10,000 gektar maydonda paxta yetishtirishadi va bu davlatlarning 13% i rivojlangan mamlakatlarga, qolgan 87% esa rivojlanayotgan davlatlar hisobiga to‘g‘ri keladi. Paxta xom ashyosining ahamiyati dunyo miqyosida muhim o‘rin egallaydi. Ayniqsa, qoloq (rivojlanishdan ortda qolgan) mamlakatlarda ish o‘rinlari yaratish va iqtisodiyot barqarorligini saqlashda g‘o‘za o‘simligi asosiy rol o‘ynaydi.

G‘o‘za o‘simligining hayoti davomida unga turli xil biotik va abiotik omillar o‘zining salbiy ta’sirini ko‘rsatadi. Zararkunandalar hosildorlik ko‘rsatkichining tushib ketishiga va biotik stressga sabab bo‘luvchi asosiy omillardan biri bo‘lib, har yili dunyo bo‘ylab, taxminan 470 milliard AQSH dollaridan ko‘proqqa baholanishi kutiladigan yillik hosilning 18-20 % hasharotlar tufayli yo‘qotiladi. XXI asr davomida ayniqsa, 2000 yillarning boshida hasharotlarning ko‘rsatayotgan zarari 23,3% dan 17,5% gacha kamaydi. Bu ijobiy natijaga erishishdagi eng asosiy sabablar genlarning overekspressiyasi, RNK interferensiya va CRISPR/Cas9 kabi zamonaviy post-trancripsion hamda post-genom texnologiyalari yordamida olingan transgen o‘simliklardan paxta yetishtirishda keng foydalanishning yo‘lga qo‘yilishi bo‘ldi.

Mamlakatimizdagi paxta yetishtiriladigan dala maydonlarda zararkunandalarning 214 dan ortiq turi uchraydi va sezilarli darajada hosilga salbiy ta’sir ko‘rsatadi. Shu bois hasharotlarga chidamli transgen g‘o‘za navlarini olish respublikamiz olimlari oldida turgan muhim vazifalardan biri hisoblanadi.

Hozirda hasharotga chidamli g‘o‘za navini olish maqsadida, g‘o‘zada hasharotga chidamlilik xususiyatini oshiruvchi *SSA24* (gen nomi shartli ravishda o‘zgartirilgan) geni NCBI ma’lumotlar bazasidan tanlab olindi. Bu gen sitaxrom P450 oilasi vakili hisoblanib, hasharotlarda xususan, *Helicoverpa armigera* da gossipol metabolizmida ishtirok etadi. Tadqiqotimizdan maqsad, *SSA24* genini RNK interferensiya qilish orqali muammoga yechim topishdir. Shu boisdan dastlab *SSA24* geniga genetik konstruksiya tuzildi va o‘simlikka ushbu genetik konstruksiyasini kiritishda, birinchi bo‘lib Cocker-312 g‘o‘za chigitlari sterillab olindi. Bunda, steril sharoitda chigit yuzasidagi keraksiz tuklar sulfat kislota yordamida tozalandi, so‘ng 5 % li gipoxlorid eritmasi va 70 % li etanol bilan sterilizatsiya jarayoni davom ettirildi. Ozuqa muhitiga urug‘larni ekishdan oldin, 3-4 daqiqa olovda ehtiyotkorlik bilan urug‘larni tutib turish orqali sterilizatsiya jarayoni yakun topdi. Qorong‘u sharoitda 3 kun davomida, yorug‘likda esa 7 kun

saqlandi. Ekilgan urug‘lardan unib chiqqan nihollar transformatsiya uchun tayyor bo‘ldi.

SSA24 geni genetik konstruksiyasi kiritilgan *Agrobacterium tumefaciens* ni transformatsiya uchun tayyorlashda, genetik konstruksiya kiritilgan *A. tumefaciens* ozuqa muhitida 26-28 ^{0}C da 16 soat o‘stirildi. So‘ng 10 minut davomida 4 ^{0}C da sentrifuga yordamida bakteriya cho‘ktirib olindi. Supernatant to‘kib yuborilgandan keyin, cho‘kma ustiga PIM va atsetoseringol qo‘shildi va PIM da 28 ^{0}C da 16 soat saqlandi. Keyingi bosqichda bakteriya zichligi to‘g‘rilanib unga *SSA24* geni kiritilgan genetik konstruksiya mavjud bakteriya o‘simlik to‘qimasiga transformatsiya qilindi. Bir necha bosqichli somatik embriogenez jarayonidan so‘ng, regenerant o‘simliklar olindi. Ayni paytda ushbu o‘simliklarning urug‘lari ko‘paytirilmoqda.

ИЗУЧЕНИЕ БИОТИЧЕСКОГО СТРЕССА В НЕКОТОРЫХ СОРТАХ БИОТЕХНОЛОГИЧЕСКОГО ХЛОПЧАТНИКА ПОД ВЛИЯНИЕМ ЗАРАЖЕНИЯ ШТАММАМИ *VERTICILLIUM DAHLIA*

Рахматова Н.Р., Имамходжаева А.С., Узбеков В.В.,
Кушаков Ш.О., Буриев З.Т.

Центр геномики и биоинформатики АН РУз
Узбекистан, Ташкентская область, Кибрайский район, ул. Университетская, 2
e-mail: rakhmatova_nodira@mail.ru

Известно, что заболевание, вызываемое почвенным грибным патогеном *Verticillium dahliae*, является наиболее разрушительным и приводит к значительным потерям урожая хлопчатника и снижению качества волокна.

Проблема увядания хлопчатника наблюдается повсеместно во всех хлопкосеющих странах, в том числе в Узбекистане. Под действием данного микроба нарушается нормальное осмотическое давление, а, следовательно, и тургор клеток тканей, усиливается транспирация, происходит отмирание паренхимных клеток древесины. У больных растений нарушается поступление в корни минеральных веществ (азота, фосфора, калия) и замедляется их транспорт

из корня в надземные части растения. Вызывая в конечном итоге преждевременное отмирание и опадение листьев, болезнь в значительной мере влияет на количество и качество урожая.

Целью нашей работы явилось изучение динамики содержания отдельных вторичных метаболитов и фитогормонов - салициловой (SA) и жасмоновой (JA) кислот, кислота, ауксинов (AUX), цитокининов (CTK), гиббереллиновых кислот (GA), абсцизовой кислоты (ABA), брассиностероидов (BR) и стриголактонов (SL) в тканях исследуемых биотехнологических сортов хлопчатника “Бардош" и Кокер-312 под влиянием заражения штаммами *V.dahliae*. Эти вещества образуют сложные сигнальные системы, которые интегрируют сигналы окружающей среды и реагируют на различные патогены, участвуя в формировании фитоиммунитета. Изучали также влияние данного биотического стресса на активность фотосинтеза и антиоксидантных ферментов.

При атаке патогена передача сигналов фитогормонов является основным способом восприятия растений, а затем активируется или подавляется последующая защитная сигнальная сеть, включая выявление генов PR, укрепление клеточной стенки, выработку фитоалексинов, индукцию каскадов SAR, ROS и MAPK. Многие исследования изучали роль факторов транскрипции, участвующих в защитной системе хлопчатника путем модуляции передачи сигналов JA. В качестве фактора транскрипции гомеодомена HDTF1 отрицательно регулирует устойчивость хлопчатника к *V. dahliae*, инактивируя JA-опосредованную передачу сигналов и накопление JA, но не влияя на передачу сигналов SA. Петля положительной обратной связи АБК и петля отрицательной обратной связи JA могут регулировать гомеостаз стриголактона и поддерживать баланс между этими тремя гормонами, тем самым улучшая толерантность хлопка к вертициллезному увяданию.

POMIDOR *(SOLANUM LYCOPERSICUM)* O‘SIMLIGIDA *ToBRFV* VIRUSI KASALLIGI

Abduvohidov S.N.[1,2], Usmanov D.E.[1], Kadirova Z.A.[2],
Sobirov B.M.[1], Sultonova F.A.[1,2], Buriev Z.T.[1]

[1]O‘zR FA Genomika va bioinformatika markazi
O‘zbekiston, Toshkent viloyati, Qibray tumani, Universitet ko‘chasi, 2
[2]Mirzo Ulug‘bek nomidagi O‘zbekiston Milliy Universiteti
O‘zbekiston, Toshkent shahar, Olmazor tumani, Universitet ko‘chasi, 4
e-mail: sanatabduvohidov3@gmail.com

Pomidorda qo‘ng‘ir chiporlanish meva virusi - *Tomato brown rugose fruit virus* (*ToBRFV*) tobamoviruslar guruhiga kirib asosan pomidor, qalampir va ituzumdoshlar oilasiga mansub bo‘lgan o‘simliklarga jiddiy zarar keltiradi. Ushbu virus bilan kasallanish holati birinchi marta 2014-yilda Isroilda aniqlangan va qisqa muddat ichida keng tarqala boshlagan. Isroil va undan keyin Iordaniya hududlarida aniqlangan virus tez tarqaldi va yevropa dalalarigacha yetib borib yuzlab gektar maydondagi o‘simliklar kasallanishiga sababchi bo‘ldi.

ToBRFV tayoqchasimon shaklda bo‘lib uzunligi taxminan 300 nm va diametri 18 nm ga teng. *ToBRFV* bilan kasallanish belgilari mevalardagi sariq, jigarrang dog‘lar, barglarda ayniqsa yosh barlarda kuzatiladigan burishish va mozaika alomatlari bilan bir qatorda yosh ko‘chatlardagi o‘sishning susayishi kabi belgilarda namoyon bo‘ladi.

Ushbu virus asosan o‘simliklarni parvarish qilish davomida mexanik usullarda: ifloslangan anjomlar, kiyim-kechak, ifloslangan tuproq, o‘simliklarni ko‘chirib o‘tkazish, kesish, yig‘ish jarayonlarida yuqadi. Virus tashqi muhitga tushgach turli yuzalarda uzoq vaqt davomida saqlanib qolish aniqlangan. Teri va plastmassalarda bir necha soatgacha zanglamaydigan metallar sirtida esa undan ham ko‘proq vaqt davomida hayotchanlikni namoyon eta oladi.

Ma’lumki pomidor (*Solanum lycopersicum*) va qalampir (*Capsicum annuum*) o‘simligi mevalari jahon eksport bozorida eng muhim ahamiyatga ega bo‘lgan oziq-ovqat mahsulotlari qatoriga kiradi. Virus dunyo miqyosida pomidor ishlab chiqarish

sanoatiga katta zarar yetkazib, hosildorlikni kamaytiradi. Meva sifati va sotilishiga jiddiy ta’sir ko‘rsatib, katta iqtisodiy yo‘qotishga olib kelmoqda. Hozirgi kunda *ToBRFV* virusiga chidamli pomidor navlari aniqlangan bo‘lib, ularning chidamligini aniqlovchi praymerlar ham tuzilgan. Lekin bu chidamli pomidor navlari umumiy pomidor navlariga nisbatan olganda kamchilikni tashkil etadi. Yuqorida aytib o‘tilgan mexanik usullarda kurashish, kasallangan o‘simliklarni yo‘q qilish, kimyoviy tozalash olib borish, urug‘larni zararsizlantirish va boshqa tadbirlar cheklangan miqdorda samara bera oladi.

Shuning uchun biz pomidorda *ToBRFV* virusiga chidamli genlarini aniqlash va o‘zgartirish orqali virusga qarshi kurashni amalga oshirishni maqsad qilib qo‘ydik. Shu maqsadda biz bir qator tadqiqotlarda aniqlangan genlar va ularning samarasini o‘rganib chiqdik. Hozirda pomidorda bu genlar ustida bioinformatik tahlillar amalga oshirilmoqda.

2-TOIFA QANDLI DIABET KASALLIGIDA ACE GENI Alu287 I/D POLIMORFIZMINING AHAMIYATINI O‘RGANISH

Abduvohidova Y.O.[1], Reyimbergenova Z.A.[1], O‘rmonaliyeva Sh.U.[2], Tsay E.A.[1], Mirahmedova M.P.[2], Esimova D.M.[2], Nurmatova S.B.[1], Ibragimova Sh.N.[1], Dalimova D.A.[1]

[1]Oliy ta’lim, fan va innovatsiyalar vazirligi huzuridagi Ilg‘or texnologiyalar markazi
O‘zbekiston, Toshkent sh., Olmazor tumani, Universitet ko‘chasi, 7
[2]Y.X. To‘raqulov nomidagi Respublika ixtisoslashtirilgan ilmiy-amaliy endokrinologiya tibbiyot markazi
O‘zbekiston, Toshkent shahar, Mirzo Ulug‘bek tumani, Mirzo Ulug‘bek shoh ko‘chasi, 56
e-mail: *Yabduvohidova@gmail.com*

Statistik tadqiqotlarga ko‘ra, 2021 yilda dunyoda 2-toifa qandli diabet bilan kasallanganlar soni 529 million (20-79 yoshda) kishi bo‘lgan bo‘lsa, 2050 yilga borib ularning soni 1,31 milliardga yetishi kutilmoqda. O‘zbekistonda 2022-yilning statistik ma’lumotlariga ko‘ra, qandli diabet bilan kasallanish darajasi 6,3 % ya’ni 1.351800 kishini tashkil qiladi.

Qandli diabet - surunkali metabolik kasallik bo‘lib, qondagi glyukoza darajasining oshishi bilan tavsiflanadi. Kasallikning rivojlanishida noto‘g‘ri ovqatlanish, ortiqcha vazn, harakatsizlik, ichak mikrobiotasi disbiyozi kabi omillar bilan bir qatorda genetik omillar ham muhim ahamiyatga ega. Qandli diabet bilan bir qancha yagona nukleotid polimorfizmi (SNP) ni assotsiyatsiyasi aniqlangan. Ulardan biri ACE genidagi polimorfizmlar muhim ahamiyatga ega. ACE geni angiotenzinga aylantiruvchi fermentni kodlaydi. Renin-agiotenzin tizimining asosiy fermenti bo‘lgan ushbu oqsil jigarda angiotensin I ning angiotenzin II ga aylanishini katalizlaydi va ko‘plab to‘qimalarda bradikininni inaktiv qiladi. Angiotenzin II qon bosimi, natriy gomeostazi, buyrak gemodinamikasini saqlashda, shu bilan bir qatorda glyukoza barqarorligida va insulin signalizatsiyasida ishtirok etadi. ACE genida 140 dan ortiq SNP aniqlangan. Eng ko‘p o‘rganilgan polimorfizmlardan biri Alu287 I/D polimorfizmi hisoblanadi. Bu polimorfizm ACE genining 16-intronida 287-juft nukleotid (j.n.) uzunlikdagi *Alu* ketma-ketligining mavjudligi (insertsiya – I) yoki yo‘qligi (deletsiya - D) bilan tavsiflanadi. II genotipda ferment kontsentratsiyasi past, DD genotipida fermentning yuqori va ID genotipida fermentning oraliq kontsentratsiyasi kuzatiladi.

Tadqiqotning maqsadi: O‘zbekiston aholisida uchraydigan 2-toifa qandli diabet kasalligi bilan og‘rigan bemorlarda ACE geni Alu287 I/D polimorfizmining uchrash chastotasini aniqlash.

Tadqiqot uchun 2-toifa qandli diabet bilan kasallangan 100 ta bemorlarning venoz qon namunalari Respublika ixtisoslashtirilgan ilmiy-amaliy endokrinologiya tibbiyot markazidan olindi. Ushbu qon namunalaridan nukleosorbtsiya metodi yordamida DNK ajratildi. ACE geni Alu287 I/D polimorfizmi genotiplarining uchrash chastotasi PZR amplifikatsiya usuli yordamida aniqlandi.

Olingan natijalar va ularning muhokamasi. 2-toifa qandli diabet bilan og‘rigan bemorlarni ACE geni Alu287 I/D polimorfizmi bo‘yicha genotiplash natijalariga ko‘ra

II (normal genotip) – 33 ta (33 %), ID (geterozigota genotip) – 55 ta (55 %), DD (polimorf gomozigota genotip) – 12 ta (12 %) bemorlarda kuzatildi. Ushbu polimorfizm bo‘yicha I allelining uchrash chastotasi 60,5 % ni, D allelining uchrash chastotasi 39,5 % ni tashkil qildi. Natijalarga ko‘rga, ID geterozigota genotipi II va DD genotiplariga qaraganda mos ravishda 1,6 marta va 4,6 marta ko‘proq uchraganligi kuzatildi. DD genotipida ID va II genotiplilarga nisbatan qandli diabet rivojlanish xavfi yuqori edi. Xitoy populyatsiyasida D allelining uchrash chastotasi 40,2 %, Osiyo davlatlarida 29,3-41,6 % uchrash chastotalari bilan O‘zbekistondagi D allelining uchrash chastotalari o‘xshashligi aniqlandi. Kavkaz populyatsiyasida bu ko‘rsatkichlar biroz yuqoriroq bo‘lib 52-57 % ni tashkil qilgan.

Xulosa qilib aytadigan bo‘lsak, ACE genining Alu287 I/D polimorfizmini o‘rganish natijasida 2-toifa qandli diabet kasalligi bilan og‘rigan bemorlarda D allelining uchrash chastotasini yuqori ko‘rsatkichi aniqlandi. Shuning uchun ushbu polimorfizmni klinik diagnostikada qandli diabetni erta aniqlash imkonini beradigan biomarker sifatida qo‘llash mumkin.

GENETIK O‘ZGARTIRILGAN ORGANIZMLARNI QISHLOQ XO‘JALIGIDAGI AHAMIYATI

Alijonova M.T.[1,2], Usmanov D.E.[2], Isomiddinova O.L.[2], Sultonova F.A.[1,2], Xusanbayeva Sh. R.[2], Shermatov Sh.E.[2], Buriev Z.T.[2],

[1]Mirzo Ulug‘bek nomidagi O‘zbekiston Milliy Universiteti
O‘zbekiston, Toshkent shahar, Olmazor tumani, Universitet ko‘chasi, 4
[2]O‘zR FA Genomika va bioinformatika markazi
O‘zbekiston, Toshkent viloyati, Qibray tumani, Universitet ko‘chasi, 2
e-mail: mohinuralijonova9977@gmail.com

GMO (genetik modifikatsiyalangan organizmlar) - bu har qanday irsiy materiali o‘zgartirilgan organizmlardir. Gerbert Boyer va Stenli Koen 1973 yilda biotexnologik usullarni qo‘llab birinchi genetik modifikatsiyalangan organizm yani antibiotikka chidamli bakteriyani olishdi. Hozirgi kunda shu kabi mahsulotlardan qishloq xo‘jaligi,

tibbiyot, farmasevtika va boshqa sohalarda keng qo‘llanilmoqda. Xususan GMO mahsulotlari qishloq xo‘jaligi sohasida tan narxini arzonligi, yuqori hosildorligi, vegetatsiya davri qisqaligi, tashqi zararli ekologik abiotik va biotik faktorlarga chidamliligi bilan ajralib turadi. GMO o‘simliklar qishloq xo‘jaligi asosiy ekinlaridan biri bo‘lgan g‘o‘za o‘simligida ham keng qo‘llaniladi.

Hozirda butun jahon bo‘yicha 25 million tonnadan 100 million tonnagacha g‘o‘za chigitlari ekiladi. Bu dunyo ekin maydoning jami 4.5 %ni tashkil qiladi. Bu har yili taxminan paxta industriyasida $600 milliard pul aylanadi deganidir. Transgen g‘o‘zalar esa umumiy miqdorning taxminan 70% ni tashkil qiladi. Bu esa g‘o‘za biotexnologiyasida olinayotgan GMO g‘o‘za navlarini inson, ekologiya, flora va faunaga qay darajada ta’sir o‘tkazishni talab etadi. Shu maqsadda nafaqat g‘o‘za ekinida balki boshqa o‘simliklarda ham yurtimizga import bo‘layotgan o‘simliklarni tekshirishni maqsad qildik. Bu borada Genomika va Bioinformatika markazida mavjud imkoniyat va resurslardan foydalanib g‘o‘za, bug‘doy, makkajo‘xori kabi qishloq xo‘jaligida muhim o‘rin tutuvchi ekinlar hamda sitrus mevalarni tekshiruvdan o‘tkazmoqdamiz.

IN VITRO ШАРОИТИДА КУЧЛИ ШЎРЛАНГАН МУҲИТЛАРГА МОСЛАШТИРИЛГАН *NITRARIA SCHOBERI* МИКРОНИҲОЛЛАРИНИНГ АМИНОКИСЛОТА ТАРКИБИ

Аманова Г.И., Ишимов У.Ж., Зиявитдинов Ж.Ф.

ЎзР ФА академик О.С.Содиқов номидаги Биоорганик кимё институти
Ўзбекистон, Тошкент шаҳар, Мирзо Улуғбек кўчаси, 83
e-mail: guzal.amanova.87@mail.ru

Қурғоқчил ва шўрланиш даражаси юқори бўлган ҳудудларда ўсишга мослашган истиқболли ўсимлик турларини аниқлаш, уларни кўпайтиришнинг биотехнологик йўлларини ишлаб чиқиш, турли даражадаги шўрланишга мослашган навларини кўпайтириш бугунги куннинг долзарб масалаларидан биридир.

Орол денгизи қуриган тубининг координаталари N43°53,721660', E58°48,034980' (ўсимлик ўсадиган – Т-7) ва N44°08'18,6731", E58°52'17,2930" (ўсимлик ўсмайдиган – Т-11) бўлган ҳудудлардан олинган тупроқ намуналари таркибидаги сувда эрийдиган тузлар ажратиб олинди. Тузларнинг тупроқдаги миқдори Т-7 учун 2.07 %, Т-11 учун эса 3.56 % ни ташкил қилди. Ажратиб олинган тузларнинг кимёвий таркиби идентификациялаш XRD-6100 қурилмисида (Shimadzu, Япония) кукунли рентген диффрактометри ёрдамида аниқланди. Натижада Т-7 ҳудуд тупроғидан ажратилган сувда эрийдиган тузлар таркибини асосан $Ca(NO_3)_2(H_2O)_2$ – 66,1 %, $CaCO_3$ – 14,8 % ва NaCl – 10,4% ташкил қилган бўлса, Т-11 ҳудуд тупроғидан ажратилган тузлар таркибида NaCl – 50,4%, $Ca(NO_3)_2(H_2O)_2$ – 15,2%, $CaCO_3$ – 13,9% ва $CaSO_4 \cdot 2H_2O$ – 10,7% аниқланди. *In vitro* шароитида ажратиб олининган тузлар қўшилган озуқа муҳитларида *Nitraria schoberi* микрониҳоллари кўпайтирилди ҳамда уларнинг бирламчи ва иккиламчи эксплантлари таркибидаги аминокислоталари миқдори ЮССХ усули ёрдамида ўрганилди.

Хроматографик жараён Agilent Technologies 1200 серияли хроматографида, Discovery HS C_{18}. 3,5 мкм, (75x4.6 mm) сорбентли олиб борилди. Мобил фаза А - 0,14 М CH_3COONa + 0,05 % ТЭА, pH 6.4 ва В - CH_3CN. Оқим тезлиги – 1.2 мл/дақиқа, тўлқин узунлиги 269 нм. Градиент % В/дақиқа: 1-6%/0-2.5 дақиқа; 6-30%/2.51-40 дақиқа; 30-60%/40,1-45 дақиқа; 60-60%/45,1-50 дақиқа; 60-0%/50,1-55 дақиқа.

Намуналар экстрактларининг аминокислоталар ва стандарт аминокислоталарнинг (“SERVA”) ФТК ҳосилалари Steven A., Cohen Daviel J. усулида синтез қилинди.

Олинган натижалардан назорат гуруҳидаги *N.schoberi* микрониҳолларига нисбатан Т-7 ва Т-11 тузли стрессига мослашган ўсимликларнинг биринчи эксплантларида эркин пролин миқдори мос равишда 3,23 ва 6,6 марта ортган

бўлса, иккинчи эксплантларда ҳам унинг миқдори 4,1 ва 6,3 марта юқори эканлиги аниқланди.

Шунингдек *N.schoberi* микрониҳолларида аланин миқдори назоратдагидан 2,2 дан 4 баробарга, глицин 2,5 дан 3 бараварга, метионин эса 10 барабар, глутамин кислотаси 2,2 дан 3,2 мартагача, серин 2 ва 1.8 баробар ортган бўлса, триптофаннинг миқдори деярли икки, фенилаланиннинг миқдори эса 10 баробар камайганлиги аниқланди.

Олиб борилган тадқиқотлар натижасида *N.schoberi* микрониҳоллари Оролқумнинг кучли туз стрессига мослашганлиги ҳақида ҳулоса қилинди.

ВЛИЯНИЕ РАЗНЫХ ТИПОВ ЗАСОЛЕНИЯ НА УРОВЕНЬ ЭНДОГЕННОГО ПРОЛИНА И САЛИЦИЛОВОЙ КИСЛОТЫ БИОТЕХНОЛОГИЧЕСКОГО СОРТА ХЛОПЧАТНИКА

Имамходжаева А.С.[1], Мамаджанов А.[2], Рахматова Н.Р.[1],
Кушаков Ш.О.[1], Буриев З.Т.[1]

[1]Центр геномики и биоинформатики АН РУз
Узбекистан, Ташкентская область, Кибрайский район, ул. Университетская, 2
[2]Институт Биофизики и Биохимии при Национальном Университете Узбекистана им. Мирзо Улугбека
Узбекистан, Ташкент, Алмазарский район, ул. Талабалар, 174
e-mail: info@genomics.uz

Продуктивность и устойчивое производство хлопчатника серьезно страдают от засоления почвы. Во время вегетации растения подвергаются воздействию ряда абиотических стрессов, в том числе и высоким концентрациям солей. Каким бы ни был тип засоления почвы, повышенная концентрация солей в почве негативно отражается на процессе как на росте, так и на урожайности растений. Чрезмерное поглощение и накопление ионов Na^+, Cl^- и SO_4^{2-} растениями хлопчатника, приводит к негативным последствиям, а именно к тому, что повышается токсичность. Хотя хлориды и сульфаты необходимы для роста

растений, их концентрации в засоленной почве превышают уровни, необходимые для нормального развития растений. Целью данной статьи является анализ биохимических ответных реакций воздействия засоления на биотехнологический генотип хлопчатника.

Для более выявления и понимания механизма толерантности различных сортов хлопчатника на стресс от засоления.

С целью получения более полной информации о потенциале устойчивости биотехнологического сорта к солевому стрессу, в эксперименте по подвергались воздействию хлоридной и сульфатной солей, в концент-рациях (условно: малой, средней и высокой) - 100 мМ, 150 мМ и 200 мМ NaCl, и 1,5%, 2,0% и 2,5% Na2SO4, были оценены такие параметры, как содержание общего хлорофилла (показание SPAD-502), пролина (Pro), и неферментатив-ного антиоксиданта, СК (салициловая кислота). Исследования проведены на ранней стадии развития (2-4 листа) хлопчатника сорта Порлок-4 и Coker-312.

В ходе эксперимента было выявлено, что показатель SPAD листьев сорта Порлок в 1,79 раз увеличился у растеий под воздействием 100 мМ NaCl и этот показатель поднялся до 2,55 у растений обработанных раствором NaCl в 200 мМ по сравнению с контрольным вариантом. Тогда как у контрольного сорта С-312 относительное содержание общего хлорофилла изменилось от 1,46 до 2,3 раза. Стресс от концентраций Na_2SO_4, равной 1,5 % также привел к увеличению общего хлорофилла (SPAD): в 1,26 раз для Порлок-4, и в 1,19раз - для Кокер-312. Тогда как при поливе растений раствором в конценрации 2,5 % , эти соотношения поднялись в 1,41 и 1,25 раз , соответственно.

Содержание Pro увеличилось в 2,1 раза у растений сорта Порлок-4 и в 1,76 раз у сорта С-312 при концентрации Na_2SO_4, равной 1,5% по сравнению с контрольным вариантом эксперимента. Тогда как при поливе растений 2,5 %-раствором сульфата нартия содержание Pro в листьях увеличилось в 4,1 и 5,2

раза, (у сорта Порлок-4 и С-312, соответственно). Было отмечено увеличение содержания СК в сорта Порлок-4 в 1,2 раза при 1,5% Na_2SO_4 и 1,4 раз в листьях С-312.

Таким образом, в ходе эксперимента было выявлено, что контакт молодых проростков хлопчатника с растворами малой, средней и высокой концентраций как хлоридной, так и сульфатной солей (или условия солевого стресса) приводит к повышению общего хлорофилла, Pro и эндогенной СК в более, чем в 1,2 раз.

“AD1”, “A1” HAMDA “G” GENOMLI G‘O‘ZA TURLARINING MOLEKULYAR-FILOGENETIK TAHLILI

Arslanova S.K., Ernazarova Z.A., To‘rayev O.S., Kushanov F.N.

O‘z R FA Genetika va o‘simliklar eksperimental biologiyasi instituti
O‘zbekiston, Toshkent viloyati, Qibray tumani, Yuqori yuz

Yovvoyi g‘o‘za germoplazmasi qimmatli xo‘jalik belgilarini boshqaruvchi genlarning boy manbai sifatida katta ahamiyatga ega bo‘lib, ulardan amaliy selektsiyada samarali foydalanish istiqbolini tur va shakllarning o‘zaro filogenetik munosabatlari belgilab beradi.

Tadqiqotlar, DNK markerlari yordamida, yovvoyi avstraliya turlari, afro-osiyo g‘o‘zalari turichi xilma-xilliklari hamda o‘rta tolali nav-namunalarining o‘zaro molekulyar-filogenetik munosabatlarini aniqlash va filogenetik daraxtini tuzishga yo‘naltirildi.

Molekulyar-genetik tadqiqotlar olib borish maqsadida, yosh g‘o‘za nihollari barg to‘qimalaridan STAV usulida genom DNK ajratib olindi. Polimeraza zanjir reaktsiyasi (PZR) tahlillari 192 ta turli qimmatli belgilarga genetik bog‘langan mikrosatellit (DPL, Gh, HAU, JESPR va BNL markerlar kollektsiyasi) DNK markerlari yordamida amalga oshirilgan.

G‘o‘za namunalarini genotiplashda GelAnalyzer dasturidan foydalanildi. PZR tahliliga ko‘ra 92 ta DNK markerlari g‘o‘za namunalari orasida o‘zaro polimorfizm namoyon etdi. 92 ta markerlar g‘o‘za namunalarida monomorf bo‘lgan bo‘lsa, 8 tasida g‘o‘za genotiplari genomida amplifikatsiya sodir bo‘lmaganligi aniqlandi. Mikrosatellit markerlar kollektsiyasining BNL to‘plamidan 19 ta, HAU to‘plamidan 18 ta, DPL va Gh to‘plamlaridan 15 tadan hamda JESPR to‘plami markerlaridan 2 tasi polimorf ekanligi kuzatildi.

G‘o‘za tola sifatini boshqarishda ishtirok etuvchi lokus, BNL3171 DNK markeri bo‘yicha tadqiqot namunalari o‘rtasida polimorfizmni namoyon etdi. PZR tahlili natijalariga ko‘ra, G.*sturtianum var.sturtianum, G.australe, G.bickii va G.herbaceum ssp.pseudoarboreum* yovvoyi g‘o‘za turlarida ushbu marker alleli 150 nukleotid juft (n.j.), G.*sturtianum* var.*nandewarense*, G.*nelsonii*, G.*herbaceum* ssp.*africanum* g‘o‘za turlarida 145 n.j. ekanligi aniqlandi. G.*herbaceum* ssp.*frutescens* va G.*herbaceum* 833 navida 160 n.j.ni, G. *hirsutum* turiga mansub Ravnaq-1, Ravnaq-2 va Baraka navlarida esa 180, 160 va 140 n.j. ekanligi kuzatildi. DNK markerlari asosidagi PZR tahlili natijalari diploid hamda tetraploid g‘o‘za turlari vakillarining yuqori darajada polimorf ekanligini namoyon etdi.

G‘o‘za turlari iyerarxik klasterlash usuli asosida tahlil qilinib, ularning filogenetik daraxti tuzildi. Namunalar o‘rtasidagi o‘zaro filogenetik munosabatga oydinlik kiritildi.

Filogenetik tahlil natijasiga ko‘ra, *Gossypium* L. turkumi turlari 2 ta asosiy klasterga ajraldi. Shajara daraxtining yuqori qismidagi 1-klasterdan G. *hirsutum* L. turiga mansub Ravnaq-1, Ravnaq-2 va Baraka navlari, 2-klasterning 1-subklasteridan *G.bickii, G.nelsonii va G.australe* g‘o‘za turlari joy olgan bo‘lsa, 2-subklaster o‘z navbatida 2 ta kichik subklasterlarga ajralgan hamda 1-kichik subklasterdan G. *herbaceum* kenja turlari vakillari, 2- kichik subklasterdan G.*sturtianum* var.*nandewarense va G. sturtianum var.sturtianum* lar joy olganligi aniqlandi. Bu esa

o‘z navbatida 13 ta g‘o‘za namunalarining bir-biri bilan genetik jihatdan o‘zaro yaqin yoki uzoqligini ko‘rsatib beradi. Shuningdek, ushbu dendrogrammadagi ma’lumotlar g‘o‘za namunalarining o‘zaro eng uzoq filogenetik munosabatda bo‘lgan keng genetik xilma-xillikka ega selektsion manba sifatida foydalanish mumkinligini tasdiqlaydi. Buning natijasida, bunday xilma-xillikka ega namunalar tadqiqotlarda amalga oshiriladigan genetik xaritalash, an’anaviy va molekulyar selektsiya asosida hosildor yangi navlarni yaratish imkonini beradi.

QULUPNAY (*FRAGARIA*) MEVA TARKIBINI YAXSHILASH BO‘YICHA AMALGA OSHIRILGAN GENETIK TADQIQOTLAR

Axmedova N.S.[1], Karimova S.[1], Ernazarova D.Q.[1,2], Kushanov F.N.[1,2]

[1]O‘zR FA Genetika va o‘simliklar eksperimental biologiyasi instituti
O‘zbekiston, Toshkent viloyati, Qibray tumani, Yuqori yuz
[2]Mirzo Ulug‘bek nomidagi O‘zbekiston Milliy Universiteti
O‘zbekiston, Toshkent shahar, Olmazor tumani, Universitet ko‘chasi, 4
e-mail: axmedovanavbahor8@gmail.com

Keyingi yillarda butun dunyo aholisi orasida qulupnay mevasining iste’moli ortib bormoqda, shu o‘rinda O‘zbekistonda ham. Natijada yanada sifatli mahsulotga bo‘lgan talabning kuchayib borishi yuzaga kelmoqda. Bugungi kungi tadqiqotlarda asosiy masalalardan biri qulupnay o‘simligida meva sifatiga javob beruvchi genlarni aniqlash va yangi navlar yaratishga e’tibor qaratilgan.

Meva ta’mi shakar, kislotalar va uchuvchi birikmalarning kombinatsiyasi transkripsiya omili genlari (*ERF9/MYB98; EOBII, MYB63, DOF2, MYB10*) va strukturaviy genlar genlar (*OMT, QR, FAD1, LOX, AAT, AAMT, AS1, EGS1, EGS1, CAD, NES1, PINS*) orqali boshqariladi. Yovvoyi (*F. Vesca*) va madaniy (*F.* × *ananassa*) turlarida linalool va nerolidol ishlab chiqarishda sezilarli farqni ko‘rsatadi. *FaNES1* nerolidol sinteziga javobgar geni faqat madaniy turida uchraydi hamda yoqimli nota beradi. *FvePINS* geni esa α-pinene sintezini boshqarib yovvoyi turida uchraydi va yoqimsiz hidga hissa qo‘shadi. Mevaga shaftoli ta’mini beruvchi lakton (*FaFAD1*

geni), karamelga o‘xshash hid va shirinlik beruvchi furaneol (*FaQR* geni) va olcha ta’miga o‘xshash nota hamda shirinlik beradigan mesifurane (*FaOMT* geni).

Shuningdek shirinlik intensivligi ham eng muhim omil hisoblanadi. Boshqa bir tadqiqodlarda yovvoyi qulupnaydagi *FveTST1* ning vaqtinchalik haddan tashqari ko‘payishi fruktoza, glyukoza va saxarozni o‘z ichiga olgan shakar darajasini oshirib, mevaning pishishini tezlashtirgani aniqlangan. Qulupnay ta’mi intensivligi uchun muhim ahamiyatga ega bo‘lgan 31 ta va shirinlik intensivligini oshiradigan 6 yog‘ kislotasidan olingan uchuvchi moddalar aniqlangan. Ayrim tadqiqotlarda, shakardan mustaqil ravishda shirinlik nazoratini kuchaytira oladigan 20 ta uchuvchi moddalar tahlil qilingan. Bu uchuvchi moddalarga 1-penten-3-bir, γ-do dekalakton, butanoid kislota, pentil efir va boshqalar kiradi. Uchuvchi moddalar ishlab chiqarishni ko‘paytirish orqali shirinlikni oshirish shakar miqdorini oshirishdan ustunlikka ega, chunki uchuvchi moddalar ishlab chiqarishni ko‘paytirish uglerod qiymatini ancha past qiladi. Uchuvchi moddalar odatda shakarga qaraganda 10^3 dan 10^6 baravar kamroq konsentratsiyaga ega, shuning uchun hatto uchuvchi kontsentratsiyaning ozgina oshishi shirinlikni idrok etishni sezilarli darajada yaxshilashi mumkin. Qulupnay mevasidagi efirlarning genom bo‘ylab assotsiatsiyasi ikkita nomzod genga olib keldi, taxminiy sinnamoil-CoA reduktaza1 va taxminiy piruvat dekarboksilaza-2, har ikkalasi ham shirinlikni kuchaytiruvchi ta’sirga ega efir biosintezida ishtirok etadi. Ushbu shirinlikni kuchaytiruvchi uchuvchi moddalar ishlab chiqarishni tiklash yoki ko‘paytirish uchun marker yordamida naslchilik yoki CRISPR asosidagi genetik modifikatsiya qo‘llanilishi mumkin.

Bundan tashqari yana bir tadqiqotchilar jamoasi tamonidan qulupnay mevasi rangining eng chuqur o‘rganilgan transkripsiya regulyatori MYB10 hisoblanadi. Madaniy va yovvoyi qulupnayda *FaMYB10* va *FveMYB10* ning ekspressiyasi yetuk meva va pigmentli barglardagi antosiyanin darajasi bilan yaqindan bog‘liq. Madaniy qulupnayda *FaMYB10* ning haddan tashqari ko‘payishi barglar, ildizlar va gullarning

qizarishiga va mevalarda antotsianinning ko‘payishiga olib keldi, qulupnay mevasida *FaMYB10* ning vaqtincha ishdan chiqishi esa antosiyanin to‘planishini sezilarli darajada chekladi (MYB10). Xuddi shunday, *FveMYB10* ning *F. vesca* dagi haddan tashqari ifodalanishi butun o‘simliklarda pigmentlarning ko‘payishiga olib keldi.

Respublikamiz qishloq xo‘jaligi va mahalliy iqtisodiyot uchun ham qulupnay katta ahamiyatga ega bo‘lgan qimmatbaho mevali ekin hisoblanadi. Ammo qulupnay o‘simligi bo‘yicha molekulyar genetik tadqiqotlar olib borilmagan. Shularni hisobga olgan holda tadqiqotimiz, qulupnay mevasining sifatiga ya’ni shirinligi, xushbo‘y hidi, rangi, mustahkamligiga javob beruvchi genlarni markerlar yordamida aniqlash va iste’molchi talablariga javob beruvchi yuqoridagi xususiyatlarni o‘zida jamlagan mahalliy yangi nav yartishga qaratilgan.

THE ROLE OF THE SUPRAMOLECULAR COMPLEX INDUCING THE ANTIOXIDANT SYSTEM OF COTTON

Babaeva D.T., Saydullaeva Kh., Akhunov A.A., Gafurov M.B., Khashimova N.R., Yuldashev KH., Shomakhamadov Sh.Sh.

Institute of Bioorganic Chemistry named after academician A.S. Sadykov
Academy of Sciences of Uzbekistan
Mirzo Ulugbek street 83, Tashkent city, Uzbekistan
e-mail: dildora.babaeva.11@mail.ru

The use of triterpene glycosides to assemble complexes (clathrates) with biologically active compounds is becoming more and more popular for the development of new transportable forms of low-dose drugs. The compositions created at low concentrations in this manner retain the molecular activity and, therefore, are less toxic and much more economical and possess several new useful properties.

It is known that the phytohormone 6-benzylaminopurine (BAP) is widely used in the cultivation and propagation of agricultural crops. 6-benzylaminopurine is a first-generation synthetic cytokinin, it causes reactions of plant growth, development and

flowering, and stimulates cell division. BAP increases the resistance of plants to various diseases, drought, cold, and protects plants from pests.

A supramolecular complex of glycyrrhizic acid (GA) with 6-benzylaminopurine was obtained at the Institute of Bioorganic Chemistry under Academy of Science of the Republic of Uzbekistan. The stability constants and Gibbs free energy of the supramolecular complex of glycyrrhizic acid (GA) with 6-benzylaminopurine were studied by the method of isomolar series. The minimum value of the Gibbs free energy showed that the complex obtained for the first time is sufficiently stable in an aqueous medium.

In order to determine in what concentrations (10^{-5}, 10^{-6}, 10^{-7}, 10^{-8} M) the resulting complex is effective for plants, an experiment was carried out in the cotton variety Sultan to determine the content of malondialdehyde (MDA), as well as the activity of the antioxidant enzyme peroxidase (PO) in 7-day-old seedlings. It was found that the pretreatment of seeds of the studied cotton variety at a concentration of 10^{-5} and 10^{-7} M significantly suppressed the accumulation of MDA compared with the control. A decrease in the MDA level indicates the possibility of activation of the antioxidant enzyme PO. In our research the highest activity of the antioxidant enzyme peroxidase was observed at a concentration of 10^{-7} M.

The occurrence of MDA is a significant indicator of oxidative lipid damage. The peroxidase enzyme is involved in the utilization of reactive oxygen species. This thesis can be considered as the first approach to understanding the effective role of the supramolecular complex inducing the antioxidant system and damage to cell membranes as a result of oxidative stress.

MITOXONDRIAL VA YADRO DNK GENETIK BELGILARI YORDAMIDA MOLEKULYAR SISTEMATIKA VA GELMINT TURLARINI ANIQLASHDAGI AHAMIYATI

Bazarbayeva K.S.[1], Sultanova SH.Y.[2]

[1]O‘zbekiston, Xorazm Ma’mun akademiyasi
O‘zbekiston, Xorazm viloyati, Xiva, Zargarlar ko‘chasi
[2]Urganch davlat universiteti
O‘zbekiston, Urganch, Hamid Olimjon ko‘chasi 14
e-mail: *bazarbayeva.karomat@mail.ru*

Molekulyar biologiyaning yutuqlari molekulyar sistematika va taksonomiya sohalarida turli molekulyar texnika va genetik markerlardan foydalanishni tezlashtirdi. Molekulyar genetik markerlar - bu genomning DNK segmentlari bo‘lib, ular taksonlarning farqlanishini ta’minlaydigan molekulyar ma’lumotni ta’minlaydi. DNK ketma-ketliklaridan genetik belgilar sifatida foydalanish nafaqat turlarni aniqlash va yangi turlarni ochish, balki sistematika tadqiqotlarida organizmlar guruhlari o‘rtasidagi munosabatlarni aniqlash uchun ham muvaffaqiyatli ekanligini isbotladi. Sistematika va identifikatsiya qilish maqsadlarida baliq gelmintlarni molekulyar tadqiq qilishda genetik markerlardan foydalanish bo‘yicha ko‘plab muvaffaqiyatlarga qaramay, taksonlar va taksonomik darajalar bo‘yicha genetik masofalardan foydalangan holda "yetarli" genetik o‘zgaruvchanlik nimadan iboratligini aniqlash uchun hisob-kitoblar ishlatilgan genetik marker va o‘rganilgan taksonga qarab farq qiladi. Tadqiqotchilar genetik masofani turlararo va turlar ichida keng tarqalgan bo‘lib, namunalarning o‘ziga xosligini aniqlash uchun o‘lchov sifatida foydalanishgan. Turli xil organizmlar guruhlari uchun turlar va taksonomik chegaralarni baholash uchun turli modellar ishlab chiqilgan. Har bir genetik markerning turli xossalari va nukleotidlarni almashtirish tezligi va organizmlarning turli guruhlari turli xil evolyutsiya tezligiga ega ekanligini hisobga olib, biz baliq gelmintlarni tasniflash va aniqlashda yordam berish uchun ushbu tadqiqotning maqsadi yadro va mitoxondrial genetik markerlarning molekulyar sistematika va identifikatsiyalash maqsadlariga muvofiqligini baholash va genetik

masofa qiymatlarini baholash orqali baliq gelmintlar uchun molekulyar sistematika va turlarni aniqlashda qo‘llaniladi.

Hozirgi vaqtda har bir ilova uchun qaysi genetik marker eng ideal ekanligini aniqlash uchun qat’iy belgilangan mezonlar to‘plami mavjud emas. Ideal holda, genetik marker filogenetik tahlil va molekulyar identifikatsiya qilish uchun yetarli ma’lumot beruvchi saytlarni ta’minlash uchun optimal evolyutsiya tezligiga ega bo‘lishi kerak. Marker, shuningdek, bir-biriga yaqin turlar o‘rtasida yuqori turlararo o‘zgarishlarni ko‘rsatishi kerak, bu markerning organizmlar o‘rtasida “yetarli” ketma-ketlik o‘zgarishini aniqlash uchun genetik masofalar orqali baholanishi mumkin. Ushbu tadqiqotda biz o‘rganilayotgan taksonlar orasidagi ketma-ketlik o‘zgarishini aniqlash uchun o‘rtacha genetik masofalardan foydalandik. Genetik belgilarning baliq gelmintlarning molekulyar sistematikasiga muvofiqligini baholash natijalari shuni ko‘rsatadiki, olingan monofiletik qatlamlar soni va yetarli genetik masofalar molekulyar sistematika uchun mitoxondrial rRNK genlarining rezolyutsiyasini qo‘llab-quvvatladi va ularni keng tarqalgan yadro rRNK genlari bilan solishtirishga imkon berdi. Turlar orasidagi ketma-ketlikning yetarli darajada o‘zgarishi genetik marker turlarni diskriminatsiya qilish uchun yetarli darajada mustahkam ekanligini ko‘rsatadigan muhim ko‘rsatkichdir. Mitoxondriyal rRNK genlari uchun turlararo genetik masofa qiymatlari mitoxondriyal oqsil kodlovchi genlarnikidan bir oz kichikroq bo‘lib, biroq, genetik masofalar yadro rRNK genlarinikidan sezilarli darajada yuqori bo‘lib, mitoxondrial rRNK genlarini turlarni aniqlash uchun mos holga keltirdi. Nematodlar oilalari o‘rtasida sezilarli tafovutlar mavjud bo‘lgan oila darajasida ham bir xil taksonomik darajadagi qiymatlarni taqqoslash nematodalar ichida ketma-ketlik o‘zgarishining yuqori darajasini ko‘rsatadi.

Xulosa taksonomik ierarxiya darajalari bo‘yicha turli xususiyatlar va genetik masofalarni taqqoslab, har bir genetik marker uchun genetik masofalarni aniqlandi va mitoxondrial rRNK genlari baliq gelmintlarni molekulyar sistematika va molekulyar

identifikatsiyalashda foydalanish uchun potentsialga ega ekanligini o‘rganildi. Shuningdek, nematodlar orasidagi genetik masofalarning keng diapazonidan olingan ma’lumotlardan foydalanib, genetik masofalarning umumiy o‘lchoviga rioya qilish yetarli bo‘lmasligi va har bir organizm guruhi o‘ziga xos genetik masofani kesish qiymatlariga ega bo‘lishi kerak.

КАРТОШКАДА (*SOLANUM TUBEROSUM* L.) *ESKIMO 1* ГЕНИНИ РНК-ИНТЕРФЕРЕНЦИЯСИ

Бабаджанова Ф.И., Убайдуллаева Х.А., Болкиев А.А.,
Абдуллаев А.Н., Буриев З.Т.

ЎзР ФА Геномика ва биоинформатика маркази
Ўзбекистон, Тошкент вилояти, Қибрай тумани, Университет кўчаси, 2
e-mail: babajanovaf20@gmail.com

ESKIMO 1 гени совуққа, қурғоқчилик ва шўрхокликка чидамлилик билан боғлиқ бўлган асосий генлардан биридир. Қурғоқчилик асосий иқтисодий муаммо бўлиб, далада ҳосилнинг сезиларли даражада пасайишига олиб келади. Ҳозирги куннинг асосий муаммоси ўзгарувчан экологик шароитларда сувга бўлган эҳтиёж кам бўлган ва барқарор ҳосил берадиган ўсимликларни кўпайтиришдир. Абиотик стрессга ўсимликларнинг жавобини тушуниш ҳам асосий, ҳам амалий тадқиқотлар учун қизиқиш уйғотади. Сўнгги пайтларда стресс сигналларини сезиш ва узатиш учун ўсимликлар томонидан ишлаб чиқилган механизмлар ҳақидаги тадқиқотлар тўқималар ва ҳужайраларни ҳимоя қилиш ёки тиклаш учун ген экспрессиясини тартибга солиш тез суръатларда ривожланди. Экологик стресс туфайли ҳосилдорликнинг йўқолиши 60-70 % га етади. Келажакдаги асосий муаммо сув ва бошқа манбаларга бўлган талаблари камайган ва турли хил экологик шароитларда барқарор ҳосилдорликни сақлайдиган ўсимлик навларини ишлаб чиқишдир. Атроф-муҳитдаги стресс ҳам ўзига хосдир. Қурғоқчилик айниқса мураккаб, чунки у бутун ўсимлик, ҳужайра

ва молекуляр даражада бир вақтнинг ўзида физиологик реакцияларга олиб келади. Мисол учун, қурғоқчилик тупроқнинг қаттиқлиги туфайли илдизларда механик стрессни, ҳужайранинг сувсизланишини келтириб чиқаради. Юзага келадиган турли хил экологик стрессларнинг таъсири бир-бири билан чамбарчас боғлиқдир. Тадқиқотимизнинг мақсади картошкада *ESKIMO-1* генини РНК интерференциялаш орқали супрессия қилиш. Тадқиқот объекти сифатида картошканинг *in vitro* шароитида ўстирилаётган Дезире ва маҳаллий Сарнав навлари танлаб олинди. *ESKIMO-1* ген конструкцияси билан трансформация қилинди. Трансформация қилинган эксплантлар каллус тўқималар ҳосил қилувчи озуқа муҳитида кўпайтирилди ва соматик эмбриогенез орқали регенерант ўсимликлар олинди. Олинган ўсимликларни молекуляр тахлили учун барг тўқимасидан геном ДНКси ажратиб олинди ва ПЗР таҳлили ўтказилди. Таҳлил натижалари киритилган вектор конструкция картошка геномида мавжуд эканлигини кўрсатди. Олинган RNAi картошка линияларини *in vitro* шароитида тузга чидамлилиги ўрганилди. Бунинг учун агарли озуқа муҳитига 50 mM, 100 mM, 150 mM va 200 mM NaCl қўшилди ва ўсиш ва ривожланиш жараёнлари кузатилди. NaCl концентрацияси униб чиқишига таъсир қилмади, аммо илдиз ва баргларининг ўсишига сезиларли таъсир кўрсатди. Кейинги тадқиқотларимизда ўзида *ESKIMO 1* RNAi генетик конструкция тутган картошка линияларини совуққа чидамлилигини баҳолаш бўйича тажрибалар ўтказдик. Ҳарорат 4ºC, – 5ºC, – 10ºC, – 15ºC ва – 20ºC бўлган муҳитларда ўрганилди. Натажалар таҳлил қилинди ва назоратга нисбатан RNAi картошка линияларини совуққа чидамлилиги юқори эканлигини кўрсатди. Совуққа чидамлилик таъсиридан сўнг яшовчанлик фоизи ҳисоблаб чиқилди. Қурғоқчиликка чидамлилик бўйича фитотрон ва иссиқхона шароитида синовлар олиб борилди, ушбу синовларни янада такомиллаштириш учун очиқ дала мухитида ўтказиш ишлари олиб борилмокда.

G‘O‘ZA (*GOSSYPIUM HIRSUTUM* L) HY5 (*ELONGATED HYPOCOTYL 5)* GENI RNK INTERFERENSIYASINING O‘SIMLIK FOTOMORFOGENZIGA TA’SIRINI O‘RGANISH

Mamajonov B.O., Ayubov M.S., Yusupov A.N., Obidov N.Sh.,
Murodov A.A., Bashirxonov Z.X., Kamalova L.X.

O‘zR FA Genomika va bioinformatika markazi
O‘zbekiston, Toshkent viloyati, Qibray tumani, Universitet ko‘chasi, 2

O‘simliklarning morfologik va fiziologik rivojlanish jarayonida juda ko‘plab genlar ishtirok etadi. Xususan g‘o‘za (*gossypium hirsutum* L.) yorug‘sevar o‘simlik bo‘lib, uning rivojlanishidagi ko‘plab metabolitik jarayonlar yorug‘lik bilan bog‘liq genlar yordamida amalga oshadi. G‘o‘zada HY5 (*Elongated hypocotyl* 5) genlari mavjud bo‘lib, bu gen o‘simliklardagi ko‘plab genlar bilan bog‘langan. Bu gen o‘simlikda yorug‘lik ishtirokida fotomorfogenez jarayonida o‘simlikdagi ko‘plab genlarga va ularning hujayradagi metabolitik jarayonlarga o‘z ta’sirini o‘tkazadi. HY5 geni yorug‘likning qizil va uzoq-qizil nurlari ta’sirida faollashuvi natijasida fitoxrom (PHYA, PHYB, PHYC, PHYD va PHYE) genlar ekspressiyasiga ta’sir ko‘rsatishi o‘simliklarda morfologik belgilarni rivojlanishida qator o‘zgarishlarni keltirib chiqaradi. Xususan, gipokotelning cho‘zilishi, pigment to‘planishining kamayishi, ildiz morfologiyasining o‘zgarishi kabilar shular jumlasidandir. HY5 genlari fotomorfogenez jarayonining markaziy qismida joylashgan va ko‘p miqdordagi oqsillar bilan bog‘langan. Bu oqsillar HY5 genlari bilan birgalikda fotomorfogenezda ishtirok etuvchi komponentlarni va transkriptsiya, post-transkriptsiya jarayonlarini nazorat qilishi aniqlangan. O‘simlik genomida COP1 (*Constitutive photomorphogeneic 1*) genlari mavjud bo‘lib, bu genlar HY5 genlari bilan ta’sirlashishi natijasida fotomorfogenez jarayonini bloklashi olimlar tomonidan o‘rganilgan. Fotomorfogenezning bloklanishi esa yorug‘lik bilan bog‘lik genlarning ekspressiyasiga salbiy ta’sir ko‘rsatadi va o‘simliklarning morfobiologik belgilarida chuqur o‘zgarishlarga sababchi bo‘ladi. HY5 genlarining BBX24-BBX25 (transkripsiya regulyator) oqsillari bilan o‘zaro ta’siri HY5 funksiyasini pasayishiga, bu esa

fotomorfogenez jarayonining kuchayishiga sababchi bo‘lishi olimlar tomonidan aniqlangan. O‘simlikning fotomorfogenez jarayinining faol bo‘lishiga o‘simlikdagi gormonal sistemaning ham roli muhim ekanligi olimlar tomonidan takidlangan. O‘simliklarda HY5 genining eksspressiyasini ortishi o‘simlikda fotomorfogenez jarayoniga, genomda ko‘plab genlar va metobolitiklarni boshqaruvchi oqsillarni pasayishiga ta’sir ko‘rsatadi. Natijada o‘simliklarning morfologik belgilarida rivojlanishida susayish holatlari namoyon bo‘ladi. O‘simliklarda fotomorfogenez jarayonidagi HY5 genning roli va unga qo‘shimcha sifatida shuni aytish mumkinki, HY5 funksiyalari fotomorfogenez va o‘simliklarni o‘sishini boshqarishdan tashqari ozuqaviy signalizatsiya, abiotik va biotik stress jarayonlar, gormonal funksiyalarni boshqarish orqali fotomorfogenezni ragbatlantirishi olimlar tomonidan o‘rganilganligi ma’lum bo‘ldi. HY5 yorug‘lik ishtirokida o‘simlikning gipokotel uzayishini pasaytirishi va o‘simlikning umumiy o‘sish va rivojlanish uchun zarur bo‘lgan mikro va makro elementrlarning so‘rilishi rag‘batlantrishi va fotosintez jarayonida ishtirok etuvchi magniy va marganets elementlarining oziq moddalar signalizatsiya yo‘llarida ishtirok etishida ham HY5 genlarining ahamiyati katta ekanligi aniqlangan va tadqiqotchilar tomonidan o‘rganilgan. Biz yuqoridagi HY5 va uning gomologlari (HYH) o‘simlikladagi boshqa genlari metobalitik oqsillar bilan o‘zaro ta’sirini o‘rganishimiz orqali shunday hulosa qilishimiz mumkin. G‘o‘zada yorug‘likka javob beruvchi HY5 genlariga zamonaviy biotexnologik usullarini qo‘llash orqali ijobiy natijalar olishni maqsad qildik. Hususan, HY5 genlariga (RNK interferensiya (RNKi) texnologiyasini qo‘llash orqali HY5 genlari ekspressiyasini pasaytirish usullari ishlab chiqildi. Bu texnologiyani qo‘llash orqali fotomorfogenezda ishtirok etuvchi fitoxrom genlar oilasining ekspressiyasini kuchaytiradi. Natijada o‘simlikdagi gipokotel va ildiz elongatsiyasini kuchayadi. Erta gullash va hosildorlik kabi muhim xo‘jalik belgilarida ham ijobiy belgilar kazatiladi. HY5 genlariga RNKi qo‘llanilishi o‘simlikning gormonal sistemasiga ham ijobiy ta’sir ko‘rsatishi o‘rganilgan. Hozirgi kunda yuqoridagi tadqiqot ustida amaliy ishlar olib borilmoqda.

THE INFLUENCE OF BIOSTIMULANTS ON COTTON IN SALT CONDITIONS

Babaeva D.T., Kuldoshova K.M., Navruzov S.B., Shomakhamadov Sh.Sh., Khashimova N.R., Akhunov A.A.

Institute of Bioorganic Chemistry named after academician A.S. Sadykov
Academy of Sciences of Uzbekistan
Mirzo Ulugbek street 83, Tashkent, Uzbekistan
e-mail: dildora.babaeva.11@mail.ru

A personalized approach to a separate genotype in the selection of stimulants based on natural compounds, which makes it possible to increase the adaptability of new biotechnological varieties of cotton to changing environmental conditions and increase productivity. DAG-1 (supramolecular complex of glycyrrhizic and salicylic acids) is a biostimulant developed on the basis of biologically active compounds from licorice root extract. The effect concentration of 10^{-6} M biostimulant on the functioning of the pro/antioxidant system in 7-day-old cotton seedlings of the gene knockout variety Porlock-4 and marker-associated selection (MAS) of the Ravnak-2 variety under conditions of salt stress was studied. The commercial stimulant Biodux was used as a reference.

Based on the study of the content of free proline, the activity of the antioxidant enzymes superoxide dismutase (SOD), peroxidase (PO), catalase (CAT), it was found that pretreatment with the DAG-1 biostimulator reduced salt stress in both varieties. The Biodux preparation stimulated the pro-/antioxidant system of all studied cotton varieties. The biostimulator Biodux, had an antioxidant effect only in Ravnak-2 under salinity.

Comparison of pro-/antioxidant processes in both biotechnological cotton varieties showed that pretreatment of cotton seeds with a biostimulant DAG-1 induces an antioxidant system and mitigates salinity stress.

OSMOREGULATION IN *NICOTIANA TABACUM* L. VARIANTS TO SALINITY

Bronnikova L.I.[1,2]

[1]Oles Honchar Dnipro National University
72 Gagarin Avenue, Dnipro, Ukraine
[2]Institute of Plant Physiology and Genetics, National Academy of Sciences of Ukraine
31/17 Vasylkivska street, Kiev, Ukraine
e-mail: Zlenkolora@gmail.com

The multifactorial nature of the problem of salt tolerance, as well as the acute need for salt-tolerant plants, stimulates the development of various directions of scientific research. The study of mechanisms of resistance to various salt stresses is currently becoming more and more popular. Osmoregulation is a fundamental adaptive response of plant cells to the effects of salinity. Osmoregulation in response to salt action is realized through accumulation of osmoactive components in cells, absorption of inorganic ions or synthesis of restricted compounds, or as a result of both processes. The stress effect of salinity was studied both at the level of intact plants and in culture, but in all experiments the dose effect of salt did not exceed 2.0 %. The obtained cell lines resistant to ultrahigh modeled stresses suggest that they have a stable osmoregulation system.

The aim of our work was to study osmoregulation in tobacco cell lines resistant to seawater salts and sodium sulfate during their cultivation under conditions of different types of salinization. Nicotiana tabacum L. of two varieties, Dubek and Samsun, was selected as the research object. Salt stress was modeled in culture by adding sea salt and sodium sulfate to Murashige-Skooga basic medium. Selective medium containing sea salt was a model of chloride and sulfate-chloride salinization; medium containing sodium sulfate was a model of sulfate salinization. Tobacco lines

resistant to 2.5 % sea salt and 3.0 % sodium sulfate were obtained on selective media by stepwise selection.

Biochemical and physiological parameters of cell culture of cells, which characterized adaptive or stabilizing reactions of plants, are of great importance in elucidating the mechanisms of salinity stress effects. Selected salt-tolerant cell lines, when passaged on highly toxic selective media, absorbed a significant amount of ions to concentrations comparable to those of the culture medium. In clones resistant to sea salt salts, the content of inorganic components reached 2.1 - 2.4 % when grown on medium with high ionic strength, in sulfate-resistant clones - 1.6 - 2.2 %. It is known that absorbed ions accumulate in the vacuole. This high content of inorganic compartments requires increased control of ionic compartmentation to prevent the accumulation of ions in the cytoplasm to avoid their toxic effects. To equalize the osmotic balance, osmoregulatory compounds, particularly proline, are synthesized in the cytoplasm of cells.

In our experiments it was found that proline content on the background of high salinity in cell strains resistant to sea salt exceeded the control up to 30 times, in sulfate-resistant strains 4-6 times. Glycophytes, unlike halophytes, are not able to maintain ionic gradient and this may cause their salt sensitivity. In our experiments, a high level of proline in the cytoplasm of cells simultaneously with a large number of ions in the vacuole provided universal resistance of cells to high levels of oleic stress.

The tobacco cell lines obtained by us were characterized by universal resistance to sulfate-chloride and sulfate salinization. Salt tolerance of the lines was provided by simultaneous accumulation of high concentrations of free proline in cytoplasm and inorganic ions in cell vacuoles.

G‘O‘ZADA PATOGEN ZAMBURUG‘LARGA QARSHI HIMOYA MEXANIZMIDA ISHTIROK ETUVCHI MIKRO RNK LARNING ROLI

Bozorov I.E., Darmanov M.M., Norov T.M.,
Ayubov M.S., Xusenov N.N., Buriev Z.T.

O‘zR FA Genomika va bioinformatika markazi
O‘zbekiston, Toshkent viloyati, Qibray tumani, Universitet ko‘chasi, 2
e-mail: bilhomjon9508@gmail.com

G‘o‘za (*Gossypium spp*) eng muhim iqtisodiy va tolali ekinlardan biri bo‘lib, uning avlodida 50 dan ortiq tur mavjud. *Gossypium spp.* ning 4 ta turi (*Gossypium hirsutum L., G. barbadense, G. arboreum, G. herbaceum*) 70 dan ortiq rivojlangan va rivojlanayotgan mamlakatlarda, jumladan AQSH, Xitoy, Hindiston kabi yirik mamlakatlarda ekib kelingan. Bir qancha mamlakatlarda ko‘plab olimlar tomonidan g‘o‘zaning tola sifati va uning hosildorligiga doir ilmiy tadqiqotlar amalga oshirilgan. Jahonning yetakchi olimlari bu sohada yuqori natijalarga erishishgan bo‘lsada, ammo g‘o‘zada biotik stress (asosan patogen zamburug‘) omillari bilan bog‘liq muammolarni bartaraf etish bo‘yicha tadqiqotlar yetarli emas. Shuning uchun, patogen zamburug‘ (*Fusarium oxysporum f. sp. vasinfectum* va *Verticillium dahliae*) larga chidamli g‘o‘za navlarini yaratish va uni amaliyotga tadbiq etish muhim ahamiyatga ega. Verticillium va Fusarium vilti paxta hosildorligini cheklovchi asosiy omillardan biri bo‘lib, butun dunyo bo‘ylab paxta ishlab chiqarishga va undan olinadigan maxsulotlarni sifatiga ta’sir qiluvchi xavfli zamburug‘ kasalligidir. Ushbu patogen zamburug‘lar tuproqda yashab, xo‘jayin organizmsiz ham o‘z faoliyatini saqlab qoladi. Bu esa ularga nisbatan kurashish choralarini yanada qiyinlashtiradi. Hozirgi kunda dunyo olimlari tomonidan zamonaviy genom texnologiya (iRNA va boshqa)larni qo‘llanishi orqali vilt kasalligiga chidamli liniya(nav)lar yaratilgan. Shuningdek, patogen zamburug‘larga qarshi kurashishda zamonaviy gen muhandisligi texnologiyalarini qo‘llash bilan bir qatorda o‘simliklardagi tug‘ma (tabiiy) himoya mexanizmini ham o‘rganish muhim ahamiyatga

ega. O‘simliklarni patogen organizmlarga qarshi himoya mexanizmini ta’minlashda hujayrada mavjud kichik RNK (sRNA) larning roli katta ahamiyatga ega.

MikroRNKlar (miRNKlar) 20-24 nukleotid (nt) uzunlikdagi kichik kodlanmagan RNK(sRNK)lar bo‘lib, RNK polimeraza II (RNA Pol II) yordamida MIRNA genlaridan hosil bo‘ladi. O‘simliklarda MIRNA genining birlamchi transkript maxsuloti (pri-miRNK) RNase III-ga o‘xshash DICER-LIKE1 (DCL1) fermenti tomonidan soch tolasi (hairpin)ga o‘xshash miRNK prekursori yoki pre-miRNK shakli va undan keyin yetuk miRNK duplekslari hosil qilinadi. MiRNK hosil bo‘lishining oxirgi fazasida miRNK dupleksi RNA-induced silencing complexes (RISC) ga yig‘iladi. MiRNKlar o‘simliklarda maqsadli genlarning funksiyasi(xususiyati)ga bog‘liq ravishda ushbu genlarning faolligini transkripsiyadan keyin ijobiy yoki salbiy regulyator repressorlari sifatida tartibga solib turadi. O‘simliklarda miRNKlar kashf etilganidan beri miRNKlar o‘simliklarning rivojlanishi, abiotik va biotik stress hamda gullash kabi muhim biologik jarayonlarda ishtirok etishi ko‘plab tadqiqotlarda isbotlangan. Hozirgi kunda jahon olimlari tomonidan g‘o‘zada vilt kasalligiga aloqador mikroRNKlar bilan bog‘liq ko‘plab tadqiqotlar olib borilmoqda. Shuningdek, o‘simliklar patogen zamburug‘ bilan zararlanish davrida hujayraning tabiiy himoya mexanizmi tufayli mikroRNKlar faoliyati u yoki bu tomonga o‘zgarib patogenga aloqador genlar funksiyasini ijobiy yoki salbiy ravishda tartibga solib turishi aniqlangan.

Shunday qilib, miRNKlar o‘simliklar evolutsiyasi davrida patogen organizmlarga qarshi himoya mexanizmida ishtirok etuvchi tabiiy rivojlangan genetik tuzilmalardir. Ushbu genetik strukturalar o‘simlik-patogen o‘zaro ta’sir reaksiyasida faollashib virulentlikka aloqador genlar faoliyatini keng doirada boshqarib turadi.

YUMSHOQ BUG‘DOY (*TRITICUM AESTIVUM* L.) NAMUNALARIDA TUZ STRESSIGA JAVOB BERUVCHI *TaSOS4* GENINING EKSPRESSIYASI

Dolimov A.A.[1,4], Turayev O.S.[1,2], Usmanov D.E.[3], Mamajonov B.O.[3], Mamatqulova G.F.[1], Tursunmurodova B.T.[1], Erjigitov D.Sh.[1], Kushanov F.N.[1]

[1]O‘zR FA Genetika va o‘simliklar eksperimental biologiyasi instituti
O‘zbekiston, Toshkent viloyati, Qibray tumani, Yuqori-yuz
e-mail: *inst@gen.org.uz*
[2]O‘simliklar genetik rusurslari ilmiy tadqiqot instituti
O‘zbekiston, Toshkent viloyati, Qibray tumani, VIR ko‘chasi 1
[3]O‘zR FA Genomika va bioinformatika markazi
O‘zbekiston,Toshkent viloyati, Qibray tumani, Universitet ko‘chasi, 2
e-mail: info@genomics.uz
[4]Toshkent tibbiyot akademiyasi
O‘zbekiston, Toshkent, Olmazor tumani, Farobiy, 2
e-mail: info@tma.uz

Dunyoning ko‘plab hududlarida sho‘rlanish bug‘doy yetishtirishni keskin cheklaydigan asosiy abiotik omillardan biridir. Global don yetishtirishda bug‘doy birinchi o‘rinda turadigan muhim oziq-ovqat ekini bo‘lib, dunyo aholisining 36% dan ortig‘i uchun asosiy oziq-ovqat mahsiloti hisoblanadi. Ammo, bug‘doy yetishtirishda va undan yuqori hosil olishda turli xil abiotik va biotik stresslar tobora jiddiy ta’sir ko‘rsatmoqda. Bugungi kunda, aholining oziq-ovqatga bo‘lgan ehtiyojini qondirish va abiotik stresslarga chidamli bug‘doy navlarini yaratish seleksiyoner olimlar oldida turgan dolzarb vazifalardan biridir.

Sho‘rlanish stressi qishloq xo‘jaligi ekinlari hosildorligini cheklovchi eng asosiy abiotik omillardan biri hisoblanadi. Tuproq sho‘rlanishi qishloq xo‘jaligida, ayniqsa qurg‘oqchil va yarim qurg‘oqchil hududlardan samarali foydalanishga to‘sqinlik qiluvchi asosiy muammolardan biridir. Tuz stressiga o‘simliklarning javob reaksiyasi yaxshi o‘rganilgan, ammo to‘liq tahlil qilinmagan murakkab tizimdir. *SOS* (son of sevenless) genlari tuzli stressda signal yo‘li ion gomeostazini nazorat qilishda va tuz stressiga bardoshliligini tartibga solish funktsiyasiga ega ekanligi aniqlangan.

Ushbu tadqiqotdan, yumshoq bug‘doyning O‘zbekiston va Rossiya seleksiyasiga mansub istiqbolli (Grom, Vexa, Alekseyich, Krasnadar-99, E’zoz, Asr, Andijon-2 va Istiqlol-20) navlari hamda ICARDA tashkiloti ko‘chatzorlariga mansub (F-39, F-15, F-34, F-94, F-56, F-61 va F-43) nav va tizmalarini sho‘rga chidamlilik darajasi 4 xil muhitda NaCl tuzining 0 (nazorat), 100, 150 va 200 mM eritmasi ta’sirida laboratorya sharoitida o‘rganish va sho‘rlanishga chidamlilikka aloqador DNK markerlari yordamida bug‘doyning chidamli va chidamsiz namunalarda *TaSOS4* genining ekspressiyasini maqsad qilingan.

Tadqiqot davomida, tanlab olingan nav va tizma namunalarini sho‘rga chidamliligini laboratorya sharoitida NaCl ning turli konsentratsiyalarini ta’sir ettirish orqali baholandi. Shuningdek, sho‘rga chidamlilikka aloqador 22 ta mikrosatellit (SSR) markerlar yordamida PZR amalga oshirilibdi va namunalardagi chidamlilikning molekulyar tahlillar olib borildi. Tadqiqotda, sho‘rga eng yuqori darajada chidamli va chidamsiz namunalarda *TaSOS4* genining ekspressiyasi o‘rganildi.

Olingan natijalar *NCSS*12 dasturida stastistik tahlil qilindi. *TaSOS4* genining ekspressiyasi esa *GraphPad Prism* 8.0.1 dasturidan foydalanib diagramma holatda ifodalandi.

Laboartoriya tahlillariga ko‘ra, donning unuvchanligi, nihol va ildiz uzunligini o‘lchash yo‘li bilan E’zoz navi va Faw-34 tizmasi sho‘rga chidamli ekanligi hamda Faw-43 tizmasi chidamsiz ekanligi kuzatildi. PZR tahlillarida ham E’zoz navi eng ko‘p chidamlilik marker allellariga ega ekanligi, aksincha Faw-43 va Faw-94 tizmalari esa eng kam chidamlilk allellariga ega ekanligi aniqlandi. Sho‘rga chidamli va chidamsiz namunalarni aniqlash uchun o‘tkazilgan fenologik va genotipik tahlillar natijalaridan kelib chiqib, E’zoz navi va Faw-43 tizmasida *TaSOS4* genining ekspressiya tahlili amalga oshirildi.

Gen ekspressiyasi tahlili natijasiga ko‘ra, *TaSOS4* geni chidamli navda sho‘r stressiga javoban faol ekspressiyalanishi, aksincha chidamsiz namunada mazkur gen

ekspressiya darajasi past ekanligi ma’lum bo‘ldi. Tuz stressiga chidamli E’zoz navida nazoratga nisbatan NaCl tuzining konsentratsiyasi ortishi bilan *TaSOS4* geni eksprssiyasi ham ortib borganligi kuzatildi. Chidamsiz Faw-43 tizmasida nazoratga nisbatan NaCl tuzining konsentratsiyasi ortishi bilan *TaSOS4* genining ekspressiyasi tushganligi aniqlandi.

TRANSGEN G‘O‘ZADA GENETIK KONSTRUKSIYA NUSXA SONINI REAL VAQTDAGI MIQDORINI PZR ORQALI BAHOLASH

Bozorov I.E., Darmanov M.M., Norov T.M.,
Ayubov M.S., Xusenov N.N., Buriev Z.T.

O‘zR FA Genomika va bioinformatika markazi
O‘zbekiston, Toshkent viloyati, Qibray tumani, Universitet ko‘chasi, 2
e-mail: bilhomjon9508@gmail.com

Dunyo paxtachiligida biotexnologik g‘o‘za navlari keng tadbiq qilinishi kengayib bormoqda. Asosan transgen g‘o‘zalari abiotik va biotik muhitlarga chidamli begona (yot) genlarni zamonaviy molekulyar biologiya usullari orqali kiritish orqali olinadi. Hozirgi kunda, dunyo olimlari tomonidan g‘o‘zaning tola sifati yaxshilangan, kemiruvchi hasharot va gerbitsidlarga chidamli genotiplari olingan.

Transgen paxta genotiplari olingandan so‘ng o‘simliklarning qaysi birida yot gen (transgen) borligi va bu genlarning qancha nusxada ekanligini aniqlash juda muhimdir. Odatda o‘simlik genomida yot DNK bo‘lagi ko‘p nusxalarda bo‘lishi past yoki beqaror ekspressiyaga sabab bo‘ladi. Shuning uchun ekzogen(yot) genning barqaror va yuqori darajadagi ekspressiyasi uchun odatda bir yoki ikki nusxaga ega transgen o‘simliklar tanlab olinadi. Shu paytgacha Tansgen o‘simliklarda maqsadli gen nusxalar soni an‘anaviy (Southern bloting) tahlili yordamida baholangan. Bu odatda ishonchli, lekin murakkab lokusda joylashgan tandem-takroriy T-DNK nusxalarini aniq sonini hamda;

T_1 yoki T_2 segregatsiyali populyatsiyada gomozigotali individni geterozigotadan ajrata olmasligi bilan bir qator kamchiliklari mavjud.

Genomika va bioinformatika olimlar jamoasi g‘o‘zaning *Gossypium hirsutum* turiga mansub Coker-312 genomiga zamburug‘li kasalliklarga chidamlilikni ta’minlovchi *Lae1* gen vektor konstruksiyasi kiritishgan. G‘o‘zada kiritilgan *Lae1* genining genomdagi nusxalar sonini baholash uchun real vaqt oralig‘idagi PZR (qRT–PCR) metodikasidan foydalanish maqsad qilindi. Ushbu metod transformatsiya jarayonining dastlabki bosqichida ko‘p miqdordagi transgen o‘simliklarni skrining qilishda, shuningdek, populyatsiyada transgen gomozigota o‘simlikni aniqlashda samarali hisoblanadi. Namunalardagi konstruksiya sonini aniqlashdan oldin, g‘o‘za genomida yagona allel sifatida ma’lum bo‘lgan *GhUBQC1* (ubiquitin-conjugating enzyme) va *pHellsGate-8 Lae1* konstruksiyasi tarkibidagi kanamitsin *NPTII* (neomycin phosphotransferase II) genlari reference sifatida olindi. O‘rta tolali g‘o‘za genomidan *GhUBC1* genini amplifikatsiya qilish uchun maxsus praymer juftliklari bilan PZR amalga oshirildi.

Standart egri chiziqqa asoslangan miqdoriy PCR (qPCR) natijalari yordamida olingan transgen o‘simliklar genomida genetik konstruksiya (*pHellsgate8 Lae1*)ning nusxalari soni aniqlandi. Kelajakda ushbu T_n avlodli transgen g‘o‘zalarni fuzarioz vilt potogenlariga chidamliligini baholash va ularni molekulyar genetik usullar yordamida tadqiq qilib viltga chidamlilikka aloqador genlar ekspressiyasini aniqlash maqsad qilindi.

G‘O‘ZANING SHO‘RGA CHIDAMLILIGINI BAHOLASHDA DNK MARKERLARINING AHAMIYATI

Mamajonov A.B., Darmanov M.M., Xusenov N.N., Narmatov S.E.

O‘zR FA Genomika va bioinformatika markazi
O‘zbekiston, Toshkent viloyati, Qibray tumani, Universitet ko‘chasi, 2
e-mail: akramjon2327@gmail.com

Dunyo olimlari tomonidan g‘o‘zaning abiotik va biotik stresslarga chidamliligini oshirish, tola sifat ko‘rsatkichlari, mahsuldorlik kabi belgilarini yaxshilash va genlarni introgressiya qilishda DNK markerlarining ahamiyatini o‘rganishga alohida e’tibor berilmoqda. Xususan, seleksiya jarayonlarini qisqartirish va tola sifati yuqori g‘o‘za navlarini yaratishda muhim hisoblangan *markerlarga asoslangan seleksiya* MAS texnologiyasi yangi g‘o‘za navlarini yaratishning zamonaviy seleksiyasi asosi sifatida qaralmoqda.

Mikrosatellit markerlar (SSR – Simple Sequence Repeat) o‘zining yuqori polimorfligi, lokus spesifikligi hamda kodominantligi sababli ko‘plab ekinlarda keng qo‘llaniladi. Mikrosatellitlar hattoki yaqin qarindosh bo‘lgan individlar lokuslarida ham yuqori polimorfizm namoyon etadi. Mikrosatellit ketma-ketliklari odatda dinukleotid (AC)n, (AG)n, (AT)n; trinukleotid (CGG)n, (GCC)n, (TCT)n, (TTG)n; tetranukleotid (TATG)n va hakazo bo‘lib, “n” – mikrosatellit lokuslar ichidagi ketma-ketlikliklari takrorlarining miqdorini bildiradi. O‘simliklarda eng ko‘p uchraydigan mikrosatellit takrorlar (AT)n ni tashkil etadi. Bugungi kunga qadar mikrosatellit markerlardan foydalanib ko‘plab tadqiqotlarda g‘o‘za genomni xaritalash, qimmatli xo‘jalik belgilarga javob beruvchi QTL ni aniqlash, turlarning bir-birlari bilan filogenetik qardoshligini aniqlash, navlarning genetik pasportini yaratish kabi bir qancha ishlar olib borilgan.

Hozirda SSR markerlarning ko‘p miqdordagi kolleksiyasi mavjud. Xususan, BNL, CIR, CM, DPL, GH, HAU, JESPR, MGHES, MUSB, MUSS/MUCS, NAU,

PGML, STV va TMB lar shular jumlasidandir. Ushbu katta to‘plamdagi markerlar bo‘yicha to‘liq ma’lumot CMD (Cotton Microsatellite Database - g‘o‘za uchun mikrosatelit ma’lumotlar ba’zasi) da mavjud.

Xalqaro tadqiqotlar asosida g‘o‘za (*G.hirsutum)* ning turli xil tuzli muhitlarda chidamlilik bo‘yicha javob beruvchi SSR markerlar to‘plami shakllantirilgan. Ammo ko‘plab tadqiqotlarda BNL-3140, BNL3414, BNL1414, NAU2580, NAU3100, NAU3486 va HAU0119 kabi markerlar o‘zining yuqori aniqlikda sho‘rga chidamlilik belgisi va genom hududlariga birikish bilan boshqa markerlardan farqlanishi aniqlangan. Kelgusi tadqiqotda mazkur markerlardan foydalanib, O‘zbekiston g‘o‘za germoplazma kolleksiyasidan sho‘rga chidamli va yuqori genetik polimorfizm namoyon etuvchi nav va genotiplarni aniqlash imkoniyati mavjud.

BIOAZOT BIOPREPARATI BILAN ISHLOV BERILGAN MAHALLIY SOYA NAV-NAMUNALARI DONIDAGI OQSIL MIQDORINING O‘ZGARUVCHANLIGI

Jo‘raev J.N., Qurbanbaev I.Dj., Abdushukirova S.K.

O‘zR FA Genetika va o‘simliklar eksperimental biologiyasi instituti
O‘zbekiston, Toshkent viloyati Qibray tumani, Yuqori yuz
e-mail: igebr_anruz@mail.ru

Dunyo miqyosida aholi uchun oziq-ovqat xavfsizligini ta’minlashning o‘rni va ahamiyati kundan-kunga oshib bormoqda. O‘z navbatida, Respublika aholisini oziq-ovqat, birinchi navbatda don mahsulotlari bilan to‘la ta’minlash vazifasini bajarish muhim ahamiyatga molik vazifa hisoblanadi. Shu bilan bir qatorda hozirgi kunda qishloq xo‘jaligida o‘simlik oqsilini ishlab chiqish va ta’minlash eng katta muammolardan hisoblanadi. Bu muammoni yechishda dukkakli don ekinlaridan soya o‘simligining ahamiyati kattadir.

Adabiyotlar tahlillari shuni ko‘rsatadiki, Soyada 32-45 % qimmatli oqsil, turli xil aminokislotalar, 17-26 % moy, uglevodlar, shuningdek, yog‘da yeriydigan C, B va

B_1 vitaminlari mavjud. Ekishdan oldin va vegetatsiya davrida biopreparatlarni qo‘llash o‘simliklarning vegetativ rivojlanishini faollashtiradi va yashil massa va don hosilini oshirishga yordam beradi. Soya donining hosildorligi nazoratga nisbatan 0,2–0,3 t/ga yoki 8–14% ga oshgan. Boshqa olimlarning tadqiqotida esa, Ecovital mikrobiologik preparati bilan EPAA-M tarkibidan foydalanish PAL faolligini oshirishga va *Glycine max L* va *Lupinus luteus L* o‘simliklarida *Pseudomonas* jinsining fitopatogen bakteriyalariga qarshilikni shakllantirishga yordam berishi aniqlangan. Horodyska, I. M va boshqalarning tadqiqotlari Ukrainaning o‘ng qirg‘og‘idagi o‘rmon-dashtlarida o‘tkazilgan. Biologik preparatlar madaniy o‘simliklarning o‘sishi va rivojlanishiga ijobiy ta’siri aniqlangan, natijada no‘xat va soya hosildorligi oshgan hamda don sifati yaxshilangan.

Yuqorida keltirilgan ma’lumotlarga asoslanib olib borilgan ilmiy tadqiqotlar natijasida soya urug‘lariga Bioazot biopreparati bilan ishlov berilganda oqsil miqdori soyaning Genetik-1 navida 40.56%, Sochilmas navida 41.2 %, Ehtiyoj navida 40.42 %, Xotira navida 40.84%, Gen-19 namunasida 40.75 % kabi nisbatan yuqori ko‘rsatkichlar, soyaning Gen-9 namunasida 39.42%, Gen-26 namunasida 39.17 %, BK-84 namunasida 39.48 % kabi o‘rtacha ko‘rsatkichlar, soyaning Gen-8 namunasida 38.45 %, Gen-40 namunasida 38.32 %, BK-98 namunasida 38.25 % esa nisbatan past ko‘rsatkichlar qayd etildi.

Xulosa o‘rnida aytishimiz kerakki, ekishdan oldin va vegetatsiyaning turli fazalarida Bioazot biopreparati bilan ishlov berilganda Genetik-1, Sochilmas, Ehtiyoj, Xotira navlarida va Gen-19 namunasida oqsil va moy miqdori oshganligi kuzatildi.

O‘ZBEKISTONDA YETISHTIRILADIGAN YONG‘OQ *(Juglans regia L.)* NAVLARINING GENETIK XILMA-XILLIGINI MIKROSATELLIT MARKERLARDAN FOYDALANGAN HOLDA O‘RGANISHNING AFZALLIGI

Foziljonov Sh.[1,2], Usmanov D.E.[2], Buriev Z.T.[2]

[1]Mirzo Ulug‘bek nomidagi O‘zbekiston Milliy Universiteti
O‘zbekiston, Toshkent shahar Olmazor tumani, Universitet ko‘chasi, 4
[2]O‘zR FA Genomika va bioinformatika markazi
O‘zbekiston, Toshkent viloyati, Qibray tumani, Universitet ko‘chasi, 2
e-mail: shukrullofoziljonov@gmail.com

Grek yong‘og‘i (*Juglans regia L.*) - dunyodagi eng keng tarqalgan yong‘oq daraxtlaridan biri hisoblanadi. U odatda fors yong‘og‘i, oq yong‘oq, ingliz yong‘og‘i yoki oddiy yong‘oq deb ham ataladi. Grek yong‘og‘i (Juglans regia L.) mag‘zi va yog‘ochi uchun mo‘tadil mintaqalarda keng tarqalgan iqtisodiy ahamiyatga ega daraxtdir. *Juglans regia L.* to‘yinmagan yog‘lar, oqsillar, fitokimyoviy moddalar va mikroelementlarning boy manbayi sifatida sog‘liq uchun foydalari maqtovga sazovor. Shuning uchun ham u yer yuzining barcha qit’alarida oziq ovqat mahsuloti sifatida yetishtirilib kelinadi. Shunday qilib, u butun dunyo bo‘ylab oziq-ovqat do‘konlarida sotib olinadigan birinchi raqamli iste‘mol yong‘og‘i hisoblanadi. Ovqatlanish mumkin bo‘lgan qismi ya’ni mag‘zi mevaning asosiy qismini tashkil etadi va u butun massaning qancha qismini tashkil etishiga qarab sifatlanadi. FAO ma’lumotlariga ko‘ra, dunyoda yong‘oq ishlab chiqarish o‘sishda davom etmoqda, Xitoy yetakchilik qilmoqda, undan keyin AQSh, Eron, Turkiya, Meksika, Ukraina, Chili, O‘zbekiston va Fransiya bormoqda. O‘zbekistonda lalmi yerdan foydalanish unumdorligini oshirish va oshirish, ichki va tashqi bozorda sifatli yong‘oq yetishtirish hajmini oshirish, xorijiy investitsiyalar hisobidan zamonaviy yong‘oq plantatsiyalarini barpo etish, yong‘oq yetishtirishning ilmiy asoslangan usullari va intensiv texnologiyalarini keng joriy etishni yo‘lga qo‘yish uchun, Prezident qarori bilan yong‘oq yetishtiruvchilar va eksport qiluvchilar uyushmasi tashkil etildi.

Muayyan hududda mavjud o‘simlik navlarini har tomonlama tushunish - yangi navlarni yaratish va maqbul alternativlarni tanlash uchun juda muhimdir. Hozirgi kunda O‘zbekiston Fanlar Akademiyasi huzuridagi Genomika va Bioinformatika markazida O‘zbekiston hududida yetishtiriladigan 10 dan ortiq navlar o‘rtasidagi genetik xilma-xillikni Mikrosatellit (SSR) markerlaridan foydalangan holda o‘rganish ishlari olib borilmoqda. Mikrosatellitlar ichida o‘simlik genomlarini o‘rganish va ularni molekulyar identifikatsiya qilishda SSR lar so‘nggi 20 yil ichida eng ko‘p qo‘llaniladigan markerlar bo‘ldi, chunki ular eksperimental va turlar o‘rtasida takrorlanishi mumkin bo‘lgan yuqori ma’lumotli, kodominant, ko‘p allelli genetik markerlardir. Tadqiqotning maqsadi yong‘oq navlarini molekulyar ko‘rsatkichlari asosida taqqoslab, har bir navning xarakteristikasi va molekulyar identifikatsiyasi uchun qimmatli ma’lumotlarni olishdir. Ushbu tadqiqot esa yong‘oq yetishtirish va seleksiya amaliyotini rivojlantirish uchun muhim ma’lumotlarni taqdim etadi.

MAKKAJO‘XORIDA ESKIMO-1 GENINI O‘CHIRISH ORQALI QURG‘OQCHILLIKKA CHIDAMLI LINIYALAR OLISH

Mirzakhmedov M.X., Ayubov M.S., Murodov A.A., Obidov N.Sh.,
Buriev Z.T., Abdukarimov A., Abdurakhmonov I.Yu.

O‘zR FA Genomika va bioinformatika markazi
O‘zbekiston, Toshkent viloyati, Qibray tumani, Universitet ko‘chasi, 2
e-mail: mirzakhmedov.m@gmail.com

Qishloq xo‘jaligida suv iqtisodiyotining asosiy etibori bu o‘simliklarning suvdan foydalanish samaradorligini (WUE – water use efficiency), ya’ni iste’mol qilingan suv uchun ishlab chiqarilgan biomassaga qaratilgan. *Arabidopsis thaliana* model o‘simligida ESKIMO1 (ESK1) geni muzlash, sovuqqa va tuzga chidamlilik, shuningdek, suv tejamkoriligida ishtirok etishi bilan tavsiflangan. esk1 mutantlarida transpiratsiya jadalligi juda past va suvdan foydalanish samaradorligi yuqori ekani tajribalarda kuzatilgan. ESK1 geni funksiyasini o‘rganish uchun esk1 mutantlarining batafsil tavsifi o‘rganildi. Stress gormoni ABA (absizat kislotasi) ning miqdori

esk1mutant o‘simligida yovvoyi turga nisbatan yuqori darajada bo‘lsada, esk1 ning kam suv yo‘qotishi ABA biosintezi orqali amalga oshuvchi stomata yopilishi bilan bog‘liq emas edi. Ildizning gidravlik o‘tkazuvchanligini o‘lchash shuni ko‘rsatdiki, esk1 mutant o‘simligining vegetativ apparati suv transportidagi nuqson sababli suv tanqisligidan qiyinchilikka uchraydi. ESK1 promoteri ostidagi reportyor genining ekspressiyasi ildizdan kurtaklargacha suv va mineral ozuqalarni transportida ishtirok etuvchi vazkulyar to‘qimalarda, ksilema hamda tolalarda kuzatilgan. Bundan tashqari, gipokotillar, ildizlar va poyalarning kesmalarida esk1 ksilema tomirlari yaroqsiz ekani qayd etiladi. Infraqizil spektroskopiyasidan foydalangan holda, esk1 mutantlarida ksilema hujayra devori tarkibining jiddiy kimyoviy o‘zgarishga uchragani ta’kidlangan.

Model o‘simlikda ushbu chuqur tadqiq qilingan genni birinchi marotaba qishloq xo‘jaligi uchun muhim sanalgan makkajo‘xori (*Zea mays*) o‘simligida genom tahrirlash usuli orqali o‘rganishni maqsad qildik. Tadqiqotlar natijasida makkajo‘xorida esk1 genining 2 nusxasi borligi anqilandi. Makkajo‘xorining embrion beruvchi navlarida ESK1 geni nukleotid ketma-ketliklari aniqlandi va ushbu ma’lumotlarga tayanib CRISPR konstruksiya uchun gRNK (gRNA-guide RNA) lar dizayn qilindi.

CRISPR YORDAMIDA G‘O‘ZADA (G.*HIRSUTUM*) DMP GENI FUNKSIYASI O‘CHIRILGAN LINIYALAR OLISH

Mirzakhmedov M.X., Shermatov Sh.E., Ayubov M.S., Ubaydullayeva X.A., Usmanov D.E., Buriev Z.T., Abdukarimov A., Abdurakhmonov I.Yu.

O‘zR FA Genomika va bioinformatika markazi
O‘zbekiston, Toshkent viloyati, Qibray tumani, Universitet ko‘chasi, 2
e-mail: mirzakhmedov.m@gmail.com

Qo‘sh gaploid (DH-doubled haploid) texnologiyasi ananviy seleksiya, markerlarga asoslangan seleksiya va genetik xaritalashda muhim rol o‘ynadi. Biroq, 50 yildan ortiq vaqt davomida DH texnologiyasi katta masshtabda asosan makkajo‘xori seleksiyasida qo‘llanilgan. Buning asosiy sababi esa makkajo‘xori ekinida gaploid induksiya qiluvchi tabiiy liniyalarning mavjudligi hamda jarayon to‘laligicha dala sharoitida amalga oshirilishi bilan izohlanadi. Gaploid induksiya qiluvchi genlarining

kashf etilishi ushbu texnologiyani boshqa ekinlarda ham qo‘llash imkonini berdi.

DH va genom tahrirlash texnologiyalarining integratsiyalashuvi (HI-Edit) elita navlarida genomni bir bosqichda aniq tahrirlash imkonini beradi va transgen elementlardan xoli navlar olishni tezlashtiradi. Hozirgacha HI-Edit texnologiyasi makkajo‘xori ekinida istiqbolli natijalarni ko‘rsatgan bo‘lsa, bug‘doy, guruch va arpada kabi ekinlarida ham sa’y-harakatlar davom etypati.

Maqsadimiz ushbu texnologiyani dunyoda tabiiy tolaning asosiy manbai va O‘zbekistonning muhim iqtisodiy ekini hisoblangan paxtada qo‘llashdir. Boshqa ekinlar singari g‘o‘zada ham gaploid o‘simlik olish va somatik embriogenez usuli orqali o‘simlik olish genotipga bog‘liq. Genetik transformatsiya va bekkrossni o‘z ichiga olgan hozirgi seleksiya amaliyotlarida, kerakli belgi xususiyatlarga ega elita navlarini olish uchun odatda 6-7 yil talab qilinadi. Biroq, iqlimning tez o‘zgarishi tufayli yuzaga kelayotgan noaniq ob havo sharoitlariga moslashuvchi g‘o‘zaning yangi navlarini olishni tezlashtirish uchun innovatsion texnologiyalardan foydalanish zaruriyatini yanada oshirmoqda.

Biz taklif qilayotgan yondashuv g‘o‘zadagi ZmDMP gen gomologini o‘chirish orqali gaploid induksiyalovchi liniya olishni o‘z ichiga oladi. Ushbu gaploid induksiyalovchi liniyalar ikki yilda yangi g‘o‘za navlarini olishga imkon beradi va shu bilan oziq ovqat xavfsizligini ta’minlashga xizmat qiladi.

Lu Long va boshqalar *G.hirsutum* dagi o‘ziga xos genlarni funksiyasini o‘chirish orqali 1,06 % gacha gaploid o‘simliklarni olishga (HIR – haploid induction rate) erishgan bo‘lsada, bizning tadqiqotimizda AtDMP8 va AtDMP9 genlariga yuqori o‘xshashlikdagi muqobil genlaridan (GH_D11G0748, GH_A11G0715) foydalanish ko‘zda tutilgan. Ushbu topilmalar g‘o‘zada HIRni yaxshilash va paxtachilikda ushbu texnologiyaning imkoniyatlarini maksimal darajada oshirish uchun qo‘shimcha tadqiqotlar va optimallashtirish zarurligini ta’kidlaydi.

EFFECT OF FLOWERING LOCUS T (FT) GENES ON PLANT DEVELOPMENT

Butaev M.I.[1, 2], Usmanov D.E.[1], Tashmuhammedova Sh.S.[2], Sobirov B.M.[1], Sharifjonov A.A.[1, 2], Buriev Z.T.[1]

[1]Center of Genomics and Bioinformatics the Academy of Sciences of the Republic of Uzbekistan
Universite street 2, Kibray district, Tashkent region, Uzbekistan
[2]National University of Uzbekistan named after Mirzo Ulugbek
Universite street 4, Almazor district, Tashkent, Uzbekistan
e-mail: madiyorib@gmail.com

As part of a plant's life cycle, the development of the flower is an essential milestone at which the shoot apical meristem (SAM) ceases to produce vegetative growth and begins to produce reproductive growth. This transitional stage in the process of meristem regeneration is irreversible for a used meristem. There are different pathways that plants use to ensure that they flower at the right time based on environmental and endogenous stimuli.

FT1 genes play a critical role in regulating flowering in plants. FT1 acts as an integrator of flowering signals from various pathways in the leaf. After integrating these signals, the meristem transmits a signal to the growing tip in order to initiate the flowering process.

In recent years, the Flowering Locus T (FT) gene has been the most widely studied and effective in promoting early flowering in plants. Studies characterized eight FT homologous genes in lotus, which belonged to the PEBP gene family. FT-like proteins are members of the phosphatidylethanolamine-binding protein family. These proteins are typically expressed in the phloem, can be transmitted through grafts, and can be moved to the tips of stems to stimulate flowering. In *Arabidopsis thaliana*, flowering is primarily controlled by five main pathways, including the photoperiodic, vernalisation, autonomous, gibberellin, and age pathways, which are all integrated by the FLOWERING LOCUS T (FT) gene. Homologous genes for FT have also been studied in mango, apple, rice, citrus, and tomato.

For this reason, we are studying the functions of FT1 genes in cotton plants via different analysis methods. Currently, the function of FT1 genes in the genome of *G. hirsutum* cotton and bioinformatics’ work on them is being carried out.

CRISPR/CAS9 USULI YORDAMIDA POMIDOR O‘SIMLIGINING BIOTIK VA ABIOTIK OMILLARGA CHIDAMLILIGINI OSHIRISH

Murodov A.A., Ayubov.M.S., Mirzakhmedov M.H., Mamajonov B.O.,
Yusupov A.N., Obidov N.SH., Bashirxonov Z.H., Kamalova L.X., Buriyev Z.T.

O‘zR FA Genomika va bioinformatika markazi
O‘zbekiston, Toshkent viloyati, Qibray tumani, Universitet ko‘chasi, 2

Pomidor mevasi minerallar va vitaminlar, jumladan likopen, kaliy, temir, foliy kislotasi va C vitaminining ajoyib manbaidir. Yetilgan Pomidorini bevosita yoki ovqat tarkibiga qo‘shib istemol qilinsa ham foydalilik xususiyatini yo‘qomaydi. FAO dagi malumotlarga ko‘ra 2021-yilda yurtimizda 2.21 mln tonna pomidor yetishtirilgan. Genom tahrirlashning zamonaviy usuli hisoblangan CRISPR/Cas9 dan foydalangan holda bu o‘simlikning turli xususiyatlarini ya’ni abiotik va biotik stresslarga chidamliligi, ozuqaviy qiymatini oshirishda, yetilish muddatini boshqarishda va meva saqlanish muddatini o‘shirishda foydalanilgan.

CRISPR/Cas9 metodi viruslar yoki faglarga qarshi bakterial yoki arxeylarning adaptiv immunitet tizimi tamoyillari asosida ishlaydi. CRISPR-Cas9 tizimining asosiy komponentlari Cas9 endonukleaza va yo‘naltiruvchi RNK (sgRNK)dan iborat. CRISPR-Cas9 sistemasi ikkala DNK zanjirini uzushda maxsus endonukleazadan foydalanadi va DNKning ikkala zanjirida uzilishini hosil qiladi. Hujayraning DNK zanjiridagi uzilishni tiklash uchun hujayra gomologik tiklash (HR) yoki gomologik bo‘lmagan tiklash (HDR) dan foydalanishi mumkin. Gomologik bo‘lmagan tiklashda DNK uzulishni hujayraning maxsus himoya sistemasi tuzatish jarayonida ushbu

qismdagi nukleotodlarda deletsiya, duplikatsiya yoki inversiya hodisasi uchrashi mumkin. Natijada DNKning ushbu qismida mutatsiya hosil bo‘ladi.

CRISPR/Cas9 usuli ko‘plab o‘simliklar qatori pomidorning ko‘plab xususiyatlarini yaxshilashda qo‘llanilib kelinmoqda. Bu usulning osonligi, aniqligi, kam vaqt talab qilishi va arzonligi keng ko‘lamda qo‘llanilishiga sabab bo‘ldi. Bu usul yordamida o‘simlining abiotik (qurg‘oqchilik, harorat, sho‘r) ta’sirlarga shuningdek biotik (kasallik keltirib chiqaruvchi zamburug va bakteriyalar, hasharotlar) ta’sirlarga moslashgan liniyalar olishga erishilgan.

Pomidor o‘simligini rivojlanishida biotik va abiotik omillar kuchli ta’sir ko‘rsatadi. Bu omillar ta’sirlarni kamaytirishda CRISPR/Cas9 usuli ham qo‘llanilmoqda. Pomidor o‘simligini barglarini sariq rangga kiritib bo‘yovchi TYLCV virusi pomidor hosildorligiga katta zarar keltiradi. CRISPR/Cas9 usuli orqali pomidor genomidagi *Pelo* va *Mlo* genlarini o‘rgartirish orqali bu virusni o‘simlik hujayrasiga kirishini oldini olishga erishilgan. Shunigdek, turli xil kasalliklarga chidamli mutant pomidorlar *DMR6-1* genini CRSIPR/Cas9 orqali mutatsiya qilish orqali olingan. Bu gen mutatsiyasi natijasida salitsil kislotasi sintezi ortgan va shuning natijasida o‘simlilarda chidamlilik xususiyati ortgan. Pomidorning mevasi, bargi va poyasini *Phytophthora infestans* bilan zararlanganda kulrang ranga kiritib hosildorligiga katta ziyon keltiradi. Pomidor o‘simligining *MYBS2* transkripsion faktori genni CRISPR/Cas9 orqali mutatsiya qilinganda, bu kasallikga ta’sirchanligi oshgan, bu genni expressiyasi kuchaytirilganda esa chidamlilik kuchayganligi aniqlangan.

Pomidor genomidagi *ALD1, FMO1, va LBD40* genlarini CRISPR/Cas9 orqali faoliyati to‘silganda o‘simlikda qurg‘oqchilikka chidamlilik xususiyatini namoyan qilgan. Shuningdek CRISPR/Cas9 usulining Sitozin asos o‘zgarish (CBEs) yo‘nalishini pomidordagi *acetolactate synthase (ALS)* geniga tatbiq qilish orqali *chlorsulfuron* gerbitsidiga chidamli liniya olingan(6). Tuzli stressga chidamli pomidor liniylarini yaratishda ham CRISPR/Cas9 usuli muaffaqiyatli qo‘llanilgan. Pomidorda HyPRP1

oqsilining prolinga boy qismini ko‘dlovchi geni CRISPR orqali o‘chirib tuzli tuproqqa o‘sishga moslashgan liniyalar olishga erishilgan.

Genom tahrirlashning bu yangi CRISPR/Cas9 usuli boshqa usullardan osonligi, qisqa muddat talab qilishi va iqtisodiy jihatdan afzalligi tufayli o‘simliklarning yangi liniyalarini olish-da ham keng qo‘llanilmoqda. Biotik va abiotik omillar o‘simliklarning, shu jumladan, pomidorning ham hosildorligiga katta ta’sir qiladi. Ushbu CRISPR/Cas9 usuli orqali bu omillarga chidamli navlarni yaratishda, shuningdek, bu omillarning o‘simliklarga ta’sir mehanizmini o‘rganish borasida katta yo‘l ochadi.

POMIDORNING VIRUSLI KASALLIKLARINI DIAGNOSTIKA QILISHDA MOLEKULYAR GENETIK VA IMMUNOFERMENT TAHLILI USULLARINING ROLI

Nomozova G.I., Nosirov B., Baxtiyorova M.S.

Toshkent Davlat Agrar Universiteti
O‘zbekiston, Toshkent viloyati, Qibray tumani, Salar qo‘rg‘oni, Universitet ko‘chasi, 2

O‘zbekistonda sabzavot ekinlari orasida ommabop va keng tarqalgani pomidor bo‘lib, maydoni va yalpi hosili bo‘yicha birinchi o‘rinda turadi. Sabzavot ekinlari umumiy maydonining 45,8 % ini pomidor tashkil etib, so‘ngi yillarda mamlakatimizda har yili gektaridan 24 tonna hosil yetishtirilmoqda.

Respublikamizda pomidor asosan ochiq dala maydonlarida va issiqxonalarda yetishtiriladi. So‘nggi yillarda eksport imkoniyatlarining yaratilishi natijasida issiqxonalar ko‘payib pomidor yetishtirish hajmi oshib bormoqda. Respublikamiz iqlim sharoiti pomidor ekinini yetishtirish uchun juda qulay bo‘lib yiliga ikki marta hosil olish imkoni mavjud, ammo vegetatsiya davrida turli zararkunanda hasharot va kasalliklar sababli olinadigan hosilning bir qismini yo‘qotilishiga sabab bo‘ladi. Ba’zi yillari fitopatogen viruslarning salbiy ta’siri natijasida hosilning 80 % yo‘qotilishi kuzatilgan. Virusli kasalliklar asosan urug‘dan va mexanik yo‘llar orqali yuqishi

aniqlangan, qolaversa so‘ruvchi va kemiruvchi hasharotlarning og‘iz aparati orqali yuqishi ham olimlar tomonidan isbotlangan. Sertifikatlangan pomidor urug‘lari va ko‘chatlarini ekish, ekin maydonlarida fitosanitariya talablariga qat’iy rioya qilish va virusli kasalliklarni monitoringini yuritib borish juda muhim sanaladi. Virusli kasalliklar asosan immun tizimi past bo‘lgan o‘simliklarga ko‘proq zarar etkazadi shuning uchun vegetatsiya davrida turli mikro va makro elementlar hamda stimulyatorlarning qo‘llanilishi o‘simliklarni chidamliligini oshirishi soha olimlari tomonidan e’tirof etilgan. Virusli kasalliklarga chidamli navlar yaratish olimlar oldidagi ustuvor vazifa sanalib bunda molekulyar biologiyaning zamonaviy usullarini qo‘llash, mavjud genetik resurslardan foydalanish va virus bilan kasallangan o‘simlikda kechadigan mexanizmlarni o‘rganish yuqori samara berishi ta’kidlangan. Tadqiqotlarimizda pomidorning virusli kasalliklarini molekulyar diagnostika qilish orqali kasallik ko‘lamini erta baholash va unga qarshi kurash choralarini to‘g‘ri tanlashga qaratilgan izlanishlarning qisqacha mazmuni yoritilgan. Diagnostik usullar sifatida polimeraza zanjir reaksiyasi (PZR) va immunoferment tahlil (IFA) dan foydalanildi.

Dala tadqiqotlari Agrar universitetning tajriba maydonida 2 xil muhitda ya’ni ochiq dala va issiqxona sharoitlarida olib borildi. Tadqiqot obekti sifatida olingan pomidor navlari asosan mahalliy olimlarimiz tomonidan yaratilgan hamda xorijiy duragay navlari hisoblanadi. Pomidor urug‘lari bir vaqtning o‘zida ikki muhitga ekilib, 3-4 chin burglar hosil bo‘lganda Fanlar Akademiyasi, Mikrobiologiya institutining kasallik qo‘zg‘atuvchi virus shtammlari kolleksiyasidagi TMV, ToMV va ToBRFV viruslari bilan suniy zararlantirildi. Kasallik belgilari birlamchi (vizual) tahlil qilindi hamda molekulyar va immunoferment usullari yordamida diagnostika qilish uchun namunalar olindi.

PZR tahlillari uchun olingan namunalardan umumiy RNK lar ajratilib bir bosqichli teskari transkriptaza PZR amalga oshirildi. PZR namunalari 1.5 % li agaroza

gelida genotiplandi. Tahlillar issiqxona sharoitida ekilgan pomidor urug‘larining nihollaridan ajratilgan namunalar viruslar bilan kasallanganligini ko‘rsatdi. Nazorat namunalar sifatida virusga nisbatan chidamli va virus bilan zararlantirilmagan namunalar olingan bo‘lib ularda kasallik belgilarining hosil bo‘lishi va kasallanish dinamikasi o‘rganildi.

IFA tahlillari esa faqatgina TMV, ToMV viruslari uchun o‘ta past darajali ijobiy natijani qayd etgan bo‘lsa, ToBRFV virusi uchun esa salbiy natijani namoyon etdi. IFA tahlillari uchun foydalanilgan to‘plamlar xalqaro darajada sertifikatlangan va yuqoridagi viruslar uchun sezgirligi yuqori ekanligiga qaramasdan kasallik tarqalish ko‘lamini baholash uchun etarli emasligi baholandi.

Xulosa qilib aytganda pomidor o‘simligining virusli kasalliklarini erta va ishonchli hamda kurash choralarini qo‘llashda molekulyar usullardan foydalanish muhim sanaladi. PZR usuli tezkor usul bo‘lib, virus simptomlari kuzatilmagan o‘simliklarda kasallik mavjudligini erta diagnostika qilishda ishonchli usul hisoblanadi.

ОЦЕНКА РИСКА ПОЯВЛЕНИЯ РЕЗИСТЕНТНЫХ ОРГАНИЗМОВ И ПОВЫШЕНИЯ СОРНОГО ПОТЕНЦИАЛА

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

Центр геномики и биоинформатики АН РУз
Узбекистан, Ташкентская область, Кибрайский район, ул. Университетская, 2
e-mail: venera.k75@gmail.com

Еще одним типом прямых экологических рисков является появление устойчивых к внешним воздействиям растений вследствие переноса трансгенов к близкородственным дикорастущим видам. Следствием такого переноса является появление суперсорняков или повышение сорного потенциала у родственных сорных видов.

Оценка риска появления резистентных организмов и повышения сорного потенциала проводят в соответствии с рекомендациями ESFA. Для этого на первом этапе с использованием был проведен биоинформатический анализ специфичности целевых участков генетической конструкции pHellsgate-8: PHYA1. Сравнение целевых участков последовательностей проводили согласно алгоритму BLASTN, позволяющему проводить сравнение нуклеотидной последовательности исследуемого объекта на сайте NCBI.

В качестве оценки достоверности гомологии исследуемых последовательностей был выбран E-value тест (Expectation value - математическое ожидание). Если это значение равно или практически равно нулю, то это указывало на действительную гомологию между объектами сравнения. При построении дерева дистанций методом ближайших соседей (neighbor-joining, NJ) использовали разные значения Max Seq Difference (от 0,05 до 0,75), которое тоже является одним из показателей.

Проведенный биоинформатический анализ прямой последовательности шарнирного участка гена PHYA1 показал, что он обладал наибольшей гомологией к генам PHYA из A- и D-генома у видов рода *Gossypium* (*G. hirsutum*, *G. turneri*, *G. raimondii* и *G. barbadense*). При этом значение E-value для *G. hirsutum*, *G. turneri* и *G. raimondii* составляло 7e-103, а для *G. barbadense* – 3e-101. Процент идентичности последовательностей для генов PHYA из A- и D-генома у *G. hirsutum*, *G. turneri* и *G. raimondii* составлял 99,06 %, а у *G. barbadense* – 98,59 %. Данные результаты отображаются на NJ-дереве при использовании значения Max Seq Difference, равным 0,05.

При увеличении значения Max Seq Difference до 0,1 на NJ-дереве появляются виды рода гибискусс (сходство с транскриптом фитохром A-подобного гена). При этом значение E-value для LOC120124617 составляло 2e-

73, а процент идентичности последовательностей – 92.86%. аналогичные значения для LOC120163966 составили 1e-65 и 90,77 %, соответственно.

При увеличении значения Max Seq Difference до 0,3 и 0,75 (т.е. при меньших требованиях к гомологии последовательностей) на NJ-дереве появляются виды семейства Malvaceae.

Однако среди представленных в базе данных NCBI геномов, с которыми выявлена гомология целевого участка генетической конструкции pHellsgate-8: PHYA1, не было обнаружено представителей семейства *Malvaceae*, произрастающих на территории Республики Узбекистан и обладающих сорным потенциалом.

Таким образом, предварительный биоинформатический анализ по определению гомологии целевой последовательности шарнирного участка гена *PHYA1* конструкции pHellsgate-8: PHYA1 не выявил гомологии с генами растений родов и видов семейства *Malvaceae*, произрастающих на территории Республики Узбекистан и обладающих сорным потенциалом. Это позволяет предположить безопасность данной конструкции в отношении возникновения резистентности и повышения сорного потенциала у сорных растений, родственных средневолокнистому хлопчатнику *G. hirsutum*.

Для оценки эффективность связывания siRNA, образующимися из RNAi конструкции pHellsgate-8: PHYA1, с целевыми последовательностями гена *PHYA1* нами были предсказаны siRNA. Для чего была использована оналйн-платформа siDirect 2.0 с использованием комбинированного алгоритма Ui-Tei, Reynolds, Amarzguioui. Для прямой целевой последовательности конструкции pHellsgate-8: PHYA1 предсказано существование 7 пар направляющей и пассажирской siRNA. Из этих 7 пар были отобраны 2 пары направляющей и пассажирской siRNA, имеющие наименьшее значение Tm (температура плавления для образования затравочного дуплекса):

1.AAUACUUGCACAUGUUUUGCU (направляющая нить 5′→3′) и CAAAACAUGUGCAAGUAUUUC (пассажирская нить 3′→5′); значение Tm для направляющей нити – 11,6 ^{0}C, для пассажирской нити – 5,3 ^{0}C;

2.AAAUACUUGCACAUGUUUUGC (направляющая нить 5′→3′) и AAAACAUGUGCAAGUAUUUCA (пассажирская нить 3′→5′); значение Tm для направляющей нити – 4,6 ^{0}C, для пассажирской нити – 12,1 ^{0}C.

Для обратной целевой последовательности конструкции pHellsgate-8: PHYA1 также предсказано существование 7 пар направляющей и пассажирской siRNA. Из этих 7 пар были отобраны 2 пары направляющей и пассажирской siRNA, имеющие наименьшее значение Tm:

1.AGUAUUUCAAGAUGAUAAGCU (направляющая нить 5′→3′) и CUUAUCAUCUUGAAAUACUUG (пассажирская нить 3′→5′); значение Tm для направляющей нити – 10,0 ^{0}C, для пассажирской нити – 8,7 ^{0}C;

2.AAGUAUUUCAAGAUGAUAAGC (направляющая нить 5′→3′) и UUAUCAUCUUGAAAUACUUGC (пассажирская нить 3′→5′); значение Tm для направляющей нити – 4,6 ^{0}C, для пассажирской нити – 17,4 ^{0}C.

Для полученных siRNA был проведен анализ специфичности связывания направляющей и пассажирской цепей с последовательностью гена *PHYA G. hirsutum* и *Hibiscus syriacus*, а также целевой последовательностью, предсказанной в siDirect 2.0. Результаты показали, что наибольшей энергией связывания siRNA с последовательностью гена *PHYA G. hirsutum*, а также целевой последовательностью, предсказанной в siDirect 2.0 обладала первая пара направляющей и пассажирской цепей (AAUACUUGCACAUGUUUUGCU – направляющая нить и CAAAACAUGUGCAAGUAUUUC – пассажирская нить). При этом энергия связывания аналогичных siRNA с последовательностью гена *PHYA Hibiscus syriacus* была значительно ниже и составила -21,9 для направляющей цепи и -14,9 – для пассажирской. Кроме того, направляющая нить

данной пары имела наибольшее значение свободной энергии сворачивания с целевой последовательностью, которое равно 4.0.

Кроме того, дикие сородичи *Gossypium hirsutum* L. произрастают в странах Центральной и Южной Америки и Индии и не встречаются на территории высвобождения. На территории Республики Узбекистан к дикорастущим родственным сорным видам культурного хлопчатника относят *Hibiscus trionum* L., *Malva neglecta* Wallr., *Malva sylvestris* L. и *Abutilon therophrasti* Medik. Необходимо отметить, что спонтанная гибридизация между *Gossypium hirsutum* L. и сорными родственными видами в естественных условиях не происходит.

В связи с этим, необходимо отметить, что полученные данные свидетельствуют о незначительном риске появления резистентных организмов и повышения сорного потенциала для оцениваемых ген-нокаутных сортов хлопчатника Порлок. Таким образом, вероятность возникновения неблагоприятного последствия маловероятна. Оценка последствия - незначительное.

RNK INTERFERENSIYA (RNKi) TEXNOLOGIYASI ORQALI OLINGAN BARKAMOL BUG‘DOY NAVINING UNUVCHANLIGINI BAHOLASH

Obidov N.SH., Ayubov M.S., Mamajonov B.O., Yusupov A.N., Bashirxonov Z.H., Ubaydullayeva X.A., Murodov A.A., Pazliyeva L.

O‘zR FA Genomika va bioinformatika markazi
O‘zbekiston, Toshkent viloyati, Qibray tumani, Universitet ko‘chasi, 2
e-mail: *obidovnuriddin17@gmail.com*

Ortib borayotgan dunyo aholisining oziq-ovqatga bo‘lgan talabini qondirishda donli ekinlari xususan, bug‘doy o‘simligi alohida ahamiyatga ega. Bug‘doy donidan yuqori xosil olish, uning texnik sifat ko‘rsatkichlarini yaxshilash va turli stresslarga chidamli bo‘lgan navlarini yaratish bugungi kun seleksioner olimlari oldida turgan asosiy vazifalardan biri xisoblanadi.

Bugungi kunda, qishloq xo‘jaligi ekinlarini tadqiq etishda zamonaviy usul va texnologiyalarni jalb etilishi tadqiqotchi olimlar uchun ko‘plab qulayliklarni yaratadi. Xususan, genomikaning RNK interferensiya (RNKi) texnologiyasini qo‘llash orqali xosildorligi yuqori va kasalliklarga chidamli bo‘lgan navlarni olishga osonlikda erishiladi. Genomika va bioinformatika markazi olimlari tomonidan PHYA1 genining PHK-interferensiya texnologiyasi yordamida hosildorligi yuqori bo‘lgan bug‘doyning yangi Barkamol navini olishga erishilgan.

Xozirda ushbu Barkamol bug‘doy navini keng dala maydonlariga ekish uchun avvalo sifatli urug‘liklarni yetishtirish va ularning unuvchanligini aniqlash muhim hisoblanadi. Urug‘larning unuvchanligi ekishga yaroqliligini belgilaydigan eng muhim xususiyatlaridan biridir. Urug‘larning unuvchanligi ekinning ko‘chat qalinligiga, o‘simliklarning rivojlanishi hamda boshqa bir qancha belgilariga katta ta’sir ko‘rsatadi.

Ushbu tadqiqotda Barkamol bug‘doy navi urug‘larining unuvchaligini oshirishga qaratilgan. Tadqiqot uchun texnik shikastlanmagan va to‘liq urug‘lar tanlab olinib, ularning unuvchanligi davlat standartlariga mos tartibda amalga oshirildi.

Tanlab olingan urug‘ namunalari namlangan filtr qog‘ozli petri likopchasiga 10 donadan, 4 takrordan, 0,5-1,5 sm masofada joylashtirildi. Urug‘lik namunalari termostatda 24 ^{0}C qorong‘u sharoitida 72 soat davomida saqlandi. Tajriba davomida saqlanayotgan urug‘lik namunalarning unuvchanligi qayd etib borildi. Tadqiqot natijalar shuni ko‘rsatdiki, Barkamol bug‘doy navining unuvchanligi 98,5 %, nazorat sifatida olingan urug‘larda esa unuvchanlik 96,3 % ko‘rsatkich namoyon etdi. Bundan ko‘rinib turibdiki, Barkamol bug‘doy navi nazorat namunalarga nisbatan 2,2 % unuvchanligi yuqori ekanligi ma’lum bo‘ldi.

Kelgusida ushbu unuvchanligi yuqori bo‘lgan Barkamol bug‘doy navi boshqa belgilari bo‘yicha tadqiqotlar olib borish ko‘zda tutilgan.

O‘ZBEKISTONDA 2-TOIFA QANDLI DIABET BILAN KASALLANGAN BEMORLARDA *CYP2E1* GENINING UCHRASH CHASTOTASINI O‘RGANISH

O‘rmonaliyeva Sh.U.[1], Reyimbergenova Z.A.[1], Tsay E.A.[1], Abduvohidova Y.O.[2], Mirahmedova M.P.[2], Esimova D.M.[2], Nurmatova S.B.[1], Ibragimova Sh.N.[1], Dalimova D.A.[1]

[1]Oliy ta’lim, fan va innovatsiyalar vazirligi huzuridagi Ilg‘or texnologiyalar markazi
O‘zbekiston, Toshkent sh., Olmazor tumani, Talabalar ko‘chasi, 96
[2]Y.X.To‘raqulov nomidagi Respublika ixtisoslashtirilgan ilmiy-amaliy endokrinologiya tibbiyot markazi
O‘zbekiston, Toshkent sh., Mirzo-Ulug‘bek t., Mirzo Ulug‘bek shoh ko‘chasi, 56
e-mail: *ormanaliyevashakhlo@gmail.com*

Hozirgi kunda qandli diabet (QD) kasalligiga chalinish darajasi (soni) yildan yilga o‘sib bormoqda. 2021-yilgi Xalqaro diabet federatsiyasi (XDF) hisob-kitoblariga ko‘ra, 537 million odam qandli diabet bilan kasallangan, bu raqam o‘sishda davom etmoqda va barcha diabet holatlarining 95 % dan ortig‘ini tashkil qiladi. O‘zbekistonda qandli diabet bilan kasallanganlar soni Aniq.uz sayti ma’lumotlariga ko‘ra 245 mingdan ziyod kishini tashkil qiladi. 2-toifa QD - insulin barqarorligining progressiv metobolitik buzilish kasalligi hisoblanadi. Bu esa glyukoza almashinuvidagi nuqsonlarga va surunkali past darajadagi yallig‘lanishlarga olib keladi. Ma’lumki, irsiy omillar, turmush tarzi va atrof-muhit omillari diabetning rivojlanishida muhim ahamiyatga ega. P450 (*CYP*) sitoxromlaridagi genetik polimorfizmlar: *CYP2C9, CYP2C19, CYP2J2* va *CYP2E1* lar QD-2 rivojlanishida muhim ahamiyat kasb etadi. *CYP2E1* geni 10 - xromosomaning 10q24.3 qismida joylashgan bo‘lib, dorilar, gormonlar va ksenobiotik toksinlar metabolizmida ishtirok etadigan fermentni kodlaydi. *CYP2E1* – bu jigarda yuqori darajada ifodalangan membrana oqsili bo‘lib, u umumiy jigar sitoxromi P450 mRNKning deyarli 50 % va oqsilining 7 % ni tashkil qiladi. Demak, jigarda ko‘pchilik dorilar *CYP2E1* ta’sirida to‘g‘ridan-to‘g‘ri yoki tanadan oson ajralish yo‘li bilan deaktivatsiyaga uchraydi.

Tadqiqot uchun qandli diabet bilan kasallangan 50 ta bemorlarning venoz qon namunalari olindi. Ushbu qon namunalaridan nukleosorbsiya metodi yordamida DNK ajratildi. Ajratib olingan DNK namunalarining sifati va miqdorini gel-elektroforez va spektofotometriya usullari yordamida aniqlandi. *CYP2E1* genining rs2070676 polimorfizmi genotiplarining uchrash chastotasi PZR amplifikatsiya usuli yordamida aniqlandi.

Olingan natijalar va ularning tahlili. *CYP2E1* geni rs2070676 polimorfizmining uchrash chastotasini aniqlash uchun QD-2 bilan kasallangan 50 ta bemorning qon namunalari olindi. Olingan namunalardan Diatom DNA Prep 100 to‘plami yordamida DNK ajratildi. Genotiplarining uchrash chastotasi anishlash maqsadida TaqMan® Drug Metabolism Genotyping Assays (Thermo Fisher Scientific, AQSh) to‘plami yordamida ayni vaqtdagi PZR amplifikatsiya reaksiyasi amalga oshirildi. Olingan natijalarga ko‘ra genotiplarning uchrash chastotasi quyidagini tashkil qildi: CC – 36 ta (72 %), CG – 13ta (26 %), GG – 1 ta (2 %). Ushbu polimorfizm bo‘yicha allellarning uchrash chastotasi quyidagicha bo‘ldi: C allelining uchrash chastotasi 85%, G allelining uchrash chastotasi 15 %.

Ensembl genom brauzeri ma’lumotlariga ko‘ra, dunyoda *CYP2E1* geni rs2070676 polimorfizmining uchrash chastotasi 42 % ni tashkil qiladi, bizning populyatsiyamizda esa bu ko‘rsatkich 12-16,8 % ni tashkil qiladi. Populyatsiyamizdagi muqobil G allelning uchrash chastotasi Yevropa populyatsiyasi (13 %) va Janubiy Osiyo (17 %) da uchrash chastotasiga yaqin. Amerikaliklar va Sharqiy Osiyo populyatsiyalarida G allelining chastotasi mos ravishda 18 % va 21 % ni tashkil qiladi, bu bizning aholimizga qaraganda bir oz yuqori. Biroq, afrikaliklarda G allelining uchrash chastotasi boshqa populyatsiyalardan oshib ketadi.

Xulosa qilib aytganda, O‘zbekiston aholisida *CYP2E1* genining rs2070676 polimorfizmini aniqlash 2-toifa qandli diabet kasalligini rivojlanishida moyillikni erta aniqlash va o‘z vaqtida davolash choralarini ko‘rish imkonini berishi mumkin.

G‘O‘ZANING TURLARARO MONOSOMIK F_1 DURAGAYRIDA XROMOSOMA YETISHMOVCHILIKLARINI SSR MARKERLARI YORDAMIDA ANIQLASH

O‘ralov J.S.[1], Sanamyan M.F.[1], Boboxujayev Sh.U.[1], Abdukarimov Sh.S.[2]

[1]Mirzo Ulug‘bek nomidagi O‘zbekiston Milliy Universiteti
O‘zbekiston, Toshkent sh., Talabalar shaharchasi., Universitet ko‘chasi, 4
[2]O‘zR FA Genomika va bioinformatika markazi
O‘zbekiston, Toshkent vil., Qibray tumani, Universitet ko‘chasi, 2
e-mail: Jumanazar.uralov@rambler.ru

Mirzo Ulug‘bek nomidagi O‘zbekiston Milliy Universiteti Noyob Sitogenetik kolleksiya yaratilgan va ushbu kolleksiya dunyo ikkinchi o‘rinda turadi. Hozirgi kunga qadar Sitogenetik kolleksiya tarkibida 100 dan oshiq monosomik liniya mavjud va ushbu monosomik liniyalar yagona getetik muhitda *G.hirsutum* L. turiga mansub bo‘lgan L-458 liniyasida asosida yaratilga. Mavjud monosomik liniyalarni hozirgi paytda 3/1 qismini molekular-genetik va translokant liniyalar yordamida sitogenetik tahlil amalga oshirildi va natijada qaysi xromosoma bo‘yicha etishmovchilik identifikasiya qilindi. Kolleksiya katta qismidagi monosomik liniya univalent xromosomani identifikasiya qilish ishlar davom etmoqda. Shu sababdan hozirda keng qo‘llanilayotgan usullardan biri bo‘lgan DNK markerlar texnologiyasi yordamida aniqlash tadqiqotning maqsadi hisoblanadi.

Sitogenetik kolleksiyaning Mo65 liniyasini univalentini identifikasiya qilish maqsadida *G.barbadense* L. turiga mansub bo‘lgan Pima 3-79 liniyasi bilan chatishtirildi va F_1(Mo65xPima 3-79) ushbu kombinasiyadan to‘rta (60, 61, 62, 63) oila olindi. Ushbu oilalarda sitogenetik tahlillar o‘tkazilda va natijada duragay o‘simliklarni meyozning metafaza I bosqichining konyugatsiya tahlilida o‘kazilda va ikkita monosomik (60_4 va 61_{10}) o‘simliklarida 25 bivalent va bitta kichik o‘lchamdagi univalent aniqlandi. Aniqlangan kichik o‘lchamga ega bo‘lgan univalent uchun g‘o‘zaning D_t-subgenomi bo‘yicha 13 ta xromosomasiga ya’ni 14 chi xromosomadan 26 chi xromosomagacha har bir xromosoma spesifik bo‘lgan SSR- mikrosatellit markerlari 4 tadan 12 tagacha tanlab olindi.

Birinchi avlod F_1(Mo65xPima 3-79) monosomik (60_4 va 61_{10}) duragaylardan barg to‘qimalari olinib STAB usuli yordamida genom DNK lari ajratildi. Ajratib olingan DNK namunalari bilan SSR markerlar yordamida PZR skriningi o‘tkazildi. PZR tahlili ma’lumotlarini genotipik tahlili; 14-xromosoma bo‘yicha 4 xil tipdagi (BNL, MUSS, Gh, CIR) 9 ta SSR markerlaridan foydalanildi. BNL3267, BNL3932, BNL3545 praymerlarida polimorfizm kuzatildi Gh067 esa monomorf ekanligi PZR tahlilida kuzatildi. Xuddi shu tartibda, 15-xromosoma 4 ta praymerga qo‘yildi, BNL3902 da polimorfizm kuzatildi. Qolgan uchta praymer monomorf. 16-xromosoma 12 ta praymerga qo‘yildi, 7 tasida polimorfizm kuzatildi. 17-xromosoma bo‘yicha 4 ta praymerga qo‘yildi, 2 tasida BNL2496 va JESPR0304 da polimorfizm kuzatildi hamda CIR112 praymeri monomorf ekanligi kuzatildi. 18-xromosoma 4 ta praymer qo‘yildi, BNL4079, BNL2544, BNL3280 polimorf va TMB1231 monomorf ekanligi aniqlandi. 19-xromosoma 9 ta praymerga qo‘yildi, Gh109, NAU1221, BNL3347, Gh182 lar polimorf, NAU2816 praymeri monomorf. 20-xromosoma uchun 7 ta praymer qo‘yildi, TMB1630, BNL3646, BNL3993 praymerlarida polimorfizm kuzatildi. 21-xromosoma uchun qo‘yilgan BNL1705, BNL1034, BNL3171, BNL3649 praymerlarida polimorfizm kuzatildi. 22-xromosoma uchun 8 ta praymer qo‘yildi hamda DPL0489 praymerida polimorfizm kuzatildi. 23-xromosoma 4 ta praymerga qo‘yildi. BNL3383 va BNL3511 polimorf, BNL2611 hamda BNL3858 monomorf ekanligi aniqlandi. 24-xromosomaga ham 4 ta praymer qo‘yildi, ulardan uchtasi BNL2568, BNL3638, Gh171 da polimorfizm kuzatildi. 25-xromosoma uchun 6 ta praymer qo‘yildi, BNL3190, BNL3806, BNL3103 praymerlari polimorf ekanligi aniqlandi. 26-xromosoma uchun olingan 4 ta praymerlardan BNL3368 va BNL840 lar polimorf ekanligi aniqlandi.

Shunday qilib, tadqiqot uchun 13 ta xromosoma uchun mos bo‘lgan jami 79 ta SSR-markerlaridan foydalandik. Tadqiqotlarimiz Mo65 liniyasida xromosoma yetishmovchiligi 14 dan 26-xromosoma juftida emasligini ko‘rsatdi va shu sababdan tadqiqotlarni 1 dan 13 chi xromosomalar hos bo‘lgan SSR-markerlari yordamida tahlil qilish ishlari davom etiriladi.

ARTEMIZININ ISHLAB CHIQARISHNI KUCHAYTIRISH UCHUN SOMATIK EMBRIOGENEZDA GORMONLARNING AHAMIYATI

Raxmanov B.K., Imamxodjayeva A.S., Ubaydullayeva X.A., Usmonov D.E., Muxtorov A.T. Shermatov Sh.E., Buriyev Z.T., Abdurahmonov I.Y.

O‘zR FA Genomika va bioinformatika markazi
O‘zbekiston, Toshkent viloyati, Qibray tumani, Universitet ko‘chasi, 2
e-mail: bakhtiyor.rakhmanov@gmail.com

Artemisia annua o‘simligidan olingan kuchli bo‘lgan artemizinin moddasi bezgak, saraton, virusli va bakterial patogenlarga qarshi kurashda katta terapevtik ahamiyatga ega. Biroq, artemizininning o‘simlikdan olish tabiiy ta’minoti cheklangan bo‘lib, muqobil ishlab chiqarish usullarini talab qilinadi. Somatik embriogenez artemizinin ishlab chiqarish uchun istiqbolli yondashuv sifatida foydalanilib, o‘simliklarni tez ko‘paytirish va genetik bir xil o‘simlik materiallarini olish imkoniyatlarini beradi. Gormonlar somatik embriogenezda, hujayralarni qayta dasturlashda, embriyon rivojlanishida va ikkilamchi metabolit biosintezida ko‘p qirrali rol o‘ynaydi. Indol-3-sirka kislotasi (IAA) va 2,4-dixlorfenoksi uksus kislotasi (2,4-D) kabi auksinlar *Artemisia* annua eksplantlarida embriogenik xususiyatni boshlash va somatik embriogenezni qo‘zg‘atish uchun juda muhimdir. Auksinlarning optimal kontsentratsiyasi va qo‘llash strategiyasi embriogenik kallusning shakllanishiga va embrionning keyingi rivojlanishiga yordam berish uchun juda muhimdir.

Sitokininlar, jumladan kinetin va benziladenin (BA) somatik embriogenez davrida hujayra proliferatsiyasi, differentsiatsiyasi va embrionning rivojlanishini rag‘batlantirish orqali auksinlarni to‘ldiradi. Auksin va sitokinin darajasi o‘rtasidagi muvozanat embriogenik potentsialni saqlab qolish va proliferatsiyadan differentsiatsiya fazalariga o‘tishni tartibga solish uchun juda muhimdir. Bundan tashqari, gibberellinlar (GA) va etilen artemizinin biosinteziga kontekstga bog‘liq bo‘lsa-da, gormonlar o‘zaro ta’sirini, hujayra uzayishi va organogenezni modulyatsiya qilish orqali somatik embriogenez jarayonlariga ta’sir qiladi.

Izlanishlarimizda somatik embriogenez va artemizinin ishlab chiqarishni tartibga solishda gormonlarning murakkab o‘zaro ta’sirini o‘rganilib borilmoqda. Tadqiqotlarimiz natijasida somatik embriogenezdan olingan kulturalarda embriogenik samaradorlikni va artemizinin to‘planishini oshirishga erishish mumkin.

Bu kabi tadqiqotlar keng miqyosda turli materiallarda somatik embriogenez, gen muxandisligi, epigenetika, biokimyo va metabolomika tahlillarini olib borib artemizinin ishlab chiqarishni nisbatan oshirishga erishish imkonini beradi va bu orqali virusli, bezgak va saraton kabi global havfli kasalliklarga qarshi samarali kurash choralari ishlab chiqish imkoniyatlariga erishish mumkin.

ABIOTIK STRESS SHARTLARIGA G‘O‘ZA TOLERANTLIGI METABOLOMIKASI

Raxmatova N.R., Imamxodjaeva A.S., Kushakov Sh.O., Buriev Z.T.

O‘zR FA Genomika va bioinformatika markazi
O‘zbekiston, Toshkent viloyati, Qibray tumani, Universitet ko‘chasi, 2
e-mail: rakhmatova_nodira@mail.ru

Tuz stressi butun dunyo bo‘ylab ekinlarning metabolizmi va unumdorligiga ta’sir qiluvchi abiotik stressning zararli omillaridan biri hisoblanadi. Tuproqdagi yuqori tuz miqdori fotosintez, ferment faolligi, minerallarning so‘rilishi va assimilyatsiyasi, oqsillarni ifodalash va gormonlar almashinuvi kabi bir qator asosiy fiziologik jarayonlarga ta’sir qiladi.

Shu munosabat bilan, turli usullar (fiziologiya, biokimyo, biotexnologiya usullari) kombinatsiyasi asosida o‘simlik resurslarining noqulay abiotik sharoitlarga chidamliligini o‘rganish va baholash zarurati tug‘iladi. O‘simliklarning stressga chidamliligini baholashda proteomika va metabolomika usullaridan foydalanish muhum va dolzarbdir.

Tuz stressi nafaqat o‘simliklarda ion va osmotik muvozanatni keltirib chiqaradi, balki oksidlovchi stressga olib keladigan reaktiv kislorod turlarining (RKT)

to‘planishiga olib keladi. Ko‘pgina o‘simliklar osmotik stressga osmoprotektorlarni to‘plash orqali javob beradi va ba’zi o‘simliklar RKTni yo‘q qiladigan antioksidant mexanizmlarga ega. O‘simliklarning RKTni qabul qilish tizimlari turli antioksidant fermentlardan, jumladan superoksid dismutaza (SOD), katalaza (CAT), askorbat peroksidaza (APX) va glutation reduktaza (GR), va askorbin kislotasi (AsA), shuningdek, kamaytirilgan glutation (GSH) kabi ba’zi fermentativ bo‘lmagan antioksidantlardan iborat. Bundan tashqari, o‘sishni tartibga solish bilan bog‘liq ba’zi genlar o‘zgaruvchan muhitga moslashish uchun induktsiya qilinadi yoki repressiya qilinadi. Bu mexanizmlarning barchasi, hali aniqlanmagan ba’zilari bilan bir qatorda, stressli sharoitlarda o‘simliklarning o‘sishiga yordam beradi.

Ko‘pgina paxtadagi stress tadqiqotlar, shuningdek, tuzga moslashish jarayonida auxin, sitokinin (CK), gibberellin (GA), abtsis kislotasi (ABK), etilen, brassinosteroid (BR), jasmonat (JK) va salitsil kislotasi (SK) kabi fitogormonlar ishtirok etishini tasdiqladi.

Jahon adabiyotida qayd etilishicha, *G. hirsutumda* fermentlanmaydigan saxaroza 1 protein kinaz 2 (GhSnRK2) ning haddan tashqari ko‘payishi, abstsiz kislotasi (ABK) signalizatsiya yo‘lida ijobiy regulyator rolini o‘ynaydi va tuz stressiga chidamlilikni oshiradi. Biroq, paxtaning tuz stressiga chidamliligining molekulyar asoslari hali ham aniqlanishi kerak.

Ushbu tadqiqotda sho‘rga chidamli g‘o‘za ko‘chatlarning bargidagi erkin prolin va salitsilat kislotasi, aminokislotalarning sifat va miqdoriy tarkibini qiyosiy tahlili aniqlandi. Tuzlarning ortib borayotgan konsentratsiyasi oqsillarning ishini faolsizlantirib, ularning sintezini to‘xtatadi. Shu bois osmotik stressni oldini olish uchun osmoregulyatsiya zarurligi tekshirildi va muhim ko‘rsatkichlardan biri fotosintetik tizimning funktsiyasini aniqlandi.

Aminokislotalarning tarkibi, albatta o‘sish va rivojlanish jarayonlari bilan chambarchas bog‘liq, chunki rivojlanish davrida aminokislotalarning bargdan qaytishi

va oqsil sintezida ishlatilishining o‘zgarishiga olib keladi. Erkin va oqsilli aminokislotalar tarkibidagi o‘zgarishlar fotosintez jarayoni bilan bog‘liq bo‘lishi mumkin, aminokislotalar barglarga ildizlardan etkazib berilib, ular hosil bo‘ladigan o‘simlik bo‘ylab harakatlanish natijasida katta miqdorda va katta xilma-xillikda bo‘lishi mumkinligi aniqlandi.

Tuproqda o‘simliklarni yetishtirishda orttirilgan NaCl ta’siriga javobini aniqlash orqali g‘o‘za genotiplarining xususiyatlari va sho‘rlanishga chidamliligini o‘rganildi. Proteomik komponent - prolin miqdorini aniqlashda nazorat variantida uning to‘planishi nechchi foizni tashkil etishi va salitsilat kislotasi, aminokislotalarning sifat va miqdoriy tarkibini qiyosiy tahlili aniqlandi. G‘o‘za genotipining tuzga chidamliligi o‘rganildi. Shunday qilib, tadqiqot natijalari shuni ko‘rsatdiki, o‘simliklar NaCl eritmalari bilan ishlov berilganda stressga chidamlilik ko‘rsatkichlari sezilarli darajada oshdi, stress komponentining konsentratsiyasi ortishi bilan fitogormonning tarkibi oshdi.

ARTEMIZININ MODDASINING MIQDORI VA SIFATINI ANIQLASH

Raxmanov B.K., Imamxodjayeva A.S., Ubaydullayeva X.A., Usmonov D.E.,
Muxtorov A.T., Mirzaxmedov M.H., Shermatov Sh.E.,
Buriyev Z.T., Abdurahmonov I.Yu.

O‘zR FA Genomika va bioinformatika markazi
O‘zbekiston, Toshkent viloyati, Qibray tumani, Universitet ko‘chasi, 2
e-mail: bakhtiyor.rakhmanov@gmail.com

Artemisia o‘simliklari o‘zlarining dorivor va aromatik xususiyatlari bilan ajralib turadi, ular hali kam o‘rganilgan yangi biokimyoviy xilma-xillikni namoyish etadi.

LC-MS/MS metodologiyasi metabolitlarni aniq identifikatsiyalash va tavsiflash imkonini beradi, bu o‘simliklarning kimyoviy tarkibiy qismlarini chuqurroq tushunishga yordam beradi. LC-MS/MS suyuqlik xromatografiyani ajratish va massa spektrometriyasini aniqlashning ketma-ket jarayoni orqali ishlaydi. Dastlab, *Artemisia*

namunalaridan olingan metabolitlar qutblilik va molekulyar og‘irlik kabi fizik-kimyoviy xususiyatlariga qarab xromatografik ajratiladi. Ushbu ajratish bosqichi individual metabolitlarni izolyatsiya qilish, shovqinlarni minimallashtirish va sezgirlikni oshirish imkonini berdi.

Keyinchalik, ajratilgan metabolitlar massa spektrometriga kiritildi, u erda ular yuqori energiyali to‘qnashuvlar yordamida ionlashtirildi va parchalanadi. Keyin olingan ionlar ularning massa-zaryad nisbati va parchalanish asosida tahlil qilinadi, bu esa maxsus metabolitlarni aniqlash imkonini beradi. Olingan spektrlarni mos yozuvlar ma’lumotlar bazalari va haqiqiy standartlar bilan taqqoslash orqali metabolitlar ishonchli tarzda aniqlanadi va izohlanadi.

LC-MS/MS tahlili *Artemisia* turlari ichida flavonoidlar, terpenoidlar, alkaloidlar va fenolik moddalarni o‘z ichiga olgan turli xil metabolitlarni aniqlash imkonini beradi. Ta’kidlash joizki, metabolitlar tarkibida turlarga xos farqlar kuzatiladi, bu har bir *Artemisia* turining noyob biokimyoviy profillarini o‘rganiladi. Bunda aniqlangan modda- topilmalar *Artemisia* o‘simliklarining fitokimyoviy xilma-xilligi haqida qimmatli tushunchalar beradi va ularning tibbiy va ekologik ahamiyatini yanada chuqurroq o‘rganish uchun asos yaratadi.

Umuman olganda, LC-MS/MS asosidagi metabolomika *Artemisia* o‘simliklarining murakkab kimyoviy tarkibini aniqlash uchun kuchli vosita bo‘lib, misli ko‘rilmagan sezgirlik, o‘ziga xoslik va analitik aniqlikni ta’minlaydi. Ushbu tadqiqot o‘simlik biokimyosi haqidagi tushunchamizni rivojlantirish va tabiiy mahsulotlarning terapevtik salohiyatidan foydalanishda metabolomik yondashuvlarning potentsialini ta’kidlaydi.

METABOLITLARNI MASS SPEKTROMETRIYA USULI YORDAMIDA TAHLIL QILISH

Raxmanov B.K., Imamxodjayeva A.S., Ubaydullayeva X.A., Usmonov D.E., Shermatov Sh.E., Buriyev Z.T., Abdurahmonov I.Yu.

O‘zR FA Genomika va bioinformatika markazi
O‘zbekiston, Toshkent viloyati, Qibray tumani, Universitet ko‘chasi, 2
e-mail: bakhtiyor.rakhmanov@gmail.com

Artemisia o‘simlik turlari farmakologik va ekologik ahamiyati bilan dunyoda mashhur, ammo ularning metabolit profillarini har tomonlama tavsiflash murakkab vazifalardan hisoblanadi. Tadqiqotlarimizda nazorat sifatida *Artemisia* turi va tajribada transgen o‘simliklarimizning to‘liq metabolomik tahlilini o‘tkazish uchun tandem massa spektrometriyasi (LC-MS/MS) bilan birgalikda suyuq xromatografiyadan keng foydalanmoqchimiz. Ushbu yondashuv orqali biz ushbu o‘simliklarning murakkab biokimyoviy tarkibiga oydinlik kiritib, turli xil metabolitlarni muvaffaqiyatli aniqlash va tavsiflash imkoniyatiga ega bo‘lamiz.

LC-MS/MS tahlili orqali nazorat va transgen tajriba o‘simliklarda metabolitlar tarkibida farqlarni biokimyoviy xilma-xillikni aniqlanishi mumkin. Shunisi e'tiborga loyiqki, har bir tur flavonoidlar, terpenoidlar, alkaloidlar va fenolik moddalar kabi noyob ikkilamchi metabolitlarning mavjudligi bilan ajralib turadigan alohida metabolik belgilarni namoyish etadi. Ushbu topilmalar *Artemisia* o‘simliklari va genlarining terapevtik salohiyatidan foydalanishda turlarga xos metabolik profillarni hisobga olish muhimligini ta’kidlaydi.

Bundan tashqari, bioaktiv metabolitlarni aniqlash *Artemisia* turlarining farmakologik xususiyatlari haqida tushuncha beradi, bu esa yangi terapevtik vositalarni ishlab chiqish uchun asos yaratadi. Bundan tashqari, metabolit yo‘llarining aniqlanishi *Artemisia* o‘simliklarining ekologik rolini, shu jumladan ularning boshqa organizmlar bilan o‘zaro ta’sirini va atrof-muhitning stress omillariga moslashishini tushunishimizga yordam beradi.

Umuman olganda, LC-MS / MS asosidagi metabolomika *Artemisia* turlarining va artemizinin biosinteziga aloqador genlarning turli o‘simliklarga kiritilgach ularda kimyoviy xilma-xillikni aniqlash va ularning dorivor va ekologik ahamiyatini o‘rganish uchun kuchli vositadir. Kimyo va biologiya o‘rtasidagi tafovutni bartaraf etish orqali metabolomika o‘simliklar metabolizmini yaxlit tushunish imkonini beradi va tibbiyot, qishloq xo‘jaligi va atrof-muhitni boshqarishda potentsial qo‘llanilishi mumkin bo‘lgan bioaktiv birikmalarni kashf qilishni osonlashtiradi. Ushbu tadqiqot inson salomatligi va atrof-muhit barqarorligi uchun *Artemisia* o‘simliklarining artemisinin kabi boshqa noyob moddalarining to‘liq salohiyatidan foydalanishga qaratilgan kelajakdagi tadqiqotlar uchun asos yaratadi.

MA’LUMOT BAZALARIDAN FOYDALANGAN HOLDA AYRIM HBV GENOMLARINING BIOINFORMATIK TAHLILI

Yo‘ldoshxonov A.A., Ayubov M.S., Yusupov A.N.

O‘zR FA Genomika va bioinformatika markazi
O‘zbekiston, Toshkent viloyati, Qibray tumani, Universitet ko‘chasi, 2
e-mail: *yoldoshxonovazamat9gmail.com*

Gepatit B virusi (HBV) butun dunyo bo‘ylab taxminan ikki milliardga yaqin odamlarga ta’sir etgan. Shundan yer shari aholisining 240 milliondan ortig‘i gepatit B virusini surunkali tashuvchisi bo‘lib, ularda jigar sirrozi va gepatotsellyulyar karsinoma kabi jiddiy asoratlar rivojlanishi mumkin. Gepatit B virusi DNKli virus bo‘lishiga qaramay u replikatsiya strategiyasi tufayli yuqori mutatsiya chastotasiga ega, bu esa replikatsiyaning har bir siklida bir xil bo‘lmagan ko‘plab variantlarni ishlab chiqarishga olib keladi. Ma’lumki, HBV ning A dan I gacha bo‘lgan 10 ga yaqin genotiplari mavjud. Biz quyidagi tadqiqotda HBV genotiplaridagi mutatsiyalarni tahlil qilishni maqsad qildik. Tadqiqot obyekti sifatida virusning A, B, C, D va E genotiplarining har biridan 4 tadan namunalar tanlab olinib, referens genomlar (LC519794.1, LC753641.1, LC753644.1 LC519789.1, LC513651.1, AB846650.1) bilan taqqoslandi va ular

o‘rtasidagi o‘zaro o‘xshashliklar hamda mutatsiyalar tahlil qilindi. Ma’lumotlar tahlil qilishda MAFFT va AliView dasturlaridan foydalanildi. Olingan bioinformatik tahlil natijalariga ko‘ra, HBV genotiplarida umumiy mutatsiyalar 176-238 ta oralig‘ida bo‘lib, shundan A genotipda 81/95, B genotipda 85/71, C genotipda 130/108, D genotipda 63/88, E genotipda 67/94, H genotipda 67/133 ta sinonim/missense mutatsiyalar ekanligi aniqlandi. Mutatsiyalarning asosiy qismi genomning P genida yuqori darajada ekanligi kuzatildi. Bunga sabab ushbu gen virusning replikatsiyasi jarayonida muhim rol o‘ynaydi. Bu esa o‘z navbatida HBV vaksinalari samaradorligini pasaytiradi. Shu sababli turli hududlardan to‘plangan HBV genotiplarini va sub-genotiplari genomini bioinformatik tahlil qilish orqali muhim mutatsiyalarni aniqlash, zamonaviy vaksinalar ishlab chiqarish va davolash jarayonini osonlashtirish uchun foydali bo‘ladi.

NAMANGAN VILOYATI G‘O‘ZA EKIN MAYDONLARIDAN AJRATILAGAN *FUSARIUM* TURKUMI ZAMBURUG‘LARINING MOLEKULYAR GENETIK IDENTIFIKATSIYASI

Xamdullayev Sh.A., Bozorov T.A., Sherimbetov A.G., Ro‘zmetov D.R.

O‘zR FA Genetika va o‘simliklar eksperimental biologiyasi instituti
O‘zbekiston, Toshkent viloyati, Qibray tumani, Yuqori yuz
e-mail: xamdullayevshuxrat@gmail.com

Dunyo miqyosida rivojlangan mamlakatlarda qishloq xo‘jaligining aksariyat tarmoqlarida tuproq unumdorligi, atrof-muhitning o‘zgarishi va turli qishloq xo‘jalik ekinlarining hosildorligini intensiv oshirib borishda patogen mikroorganizmlarni turlarini aniqlash va ularga qarshi kurash choralarini ishlab chiqish muhim hisoblanadi.

O‘zbekiston Respublikasining asosiy qishloq xo‘jalik ekinlaridan bo‘lgan g‘o‘zaning xalq xo‘jaligidagi ahamiyati nihoyatda kattadir. Hozir kunda qishloq xo‘jaligi yerlarida noto‘g‘ri agrotexnika ishlari olib borilishi va iqlim o‘zgarishi sababli tuproq mikroflorasi o‘zgarib, fitopatogen mikroorganizmlar miqdori oshib bormoqda, bu esa o‘z navbatida qishloq xo‘jaligi ekinlarining hosildorligi pasayishiga sabab

bo‘ladi.

Respublikamizning paxta ekin maydonlarining fitosanitar nazoratini o‘z vaqtida sifatli amalga oshirish hamda g‘o‘za ekinini zararlovchi fitopatogen zamburug‘larning tur tarkibini aniqlash dolzarb vazifalardan biridir. Shu nuqtai nazardan bizning tadqiqotlarimiz Namangan viloyatining Paxtachilik kengashi faoliyati yo‘lga qo‘yilgan Pop tumanida g‘o‘zaning Andijon-35 navi ekilgan dalalari fitosanitar nazoratdan o‘tkazilganda, o‘simliklar organlarida kasallanish simptomlari borligi, ya’ni, ildiz chirish, ildiz bo‘g‘zi chirishi, barglarning dog‘lanishi, poyaning so‘lgani va har-xil dog‘lar bilan kasallanganligi aniqlandi.

Olingan o‘simliklarda kasallik simptomlari vizual aniqlanib, ayrim namunalarda tashqi belgilari aniq, ba’zilarida qisman va yashirin bo‘lib, ulardan tayyorlangan gerbariylarga yig‘ilgan vaqti va joyi, tuproq namunalarida esa joyi belgilab qo‘yildi. Kasallangan o‘simliklar va 10, 20 va 30 sm. chuqurlikdagi tuproq namunalari maxsus idishlarda mikologik tahlil qilish uchun olib kelindi.

Ajratib olingan 9 ta *Fusarium* turkumi monosporali izolyatlarining morfologik va molekulyar-genetik identifikatsiyasi amalga oshirildi. *Fusarium* turkumi turlari monosporali izolyatlarining morfologik va molekulyar-genetik identifikatsiyasi katta ahamiyatga ega. Bu turkum vakillarining morfologik jihatdan bir-biriga juda o‘xshashligi, har xil ozuqa muhitlarida turli pigmentlar hosil qilishi, ularning morfologik identifikatsiyasida bir qancha muammolar keltirib chiqaradi.

Ajaratib olingan zamburug‘ namunalaridan DNK ajratish uchun “Invitrogen PureLink™ Genomic DNA Mini Kit” (Thermo Fisher, USA) reaktivlaridan foydalanildi. Ajratib olingan DNK namunalari *Tef-1α* (translation elongation factor 1*α*), *TUBB* (β-tubulin) genlari va ITS1, ITS2 (Internal transcribed region of the nuclear rDNA spacers) regionlari bo‘yicha quyidagi praymerlar bilan amplifikatsiya qilindi.

Tef-1α - TGCGGTGGTATCGACAAGCGT /AGCATGTTGTCGCCGTTGAAG

TUBB - GGTAACCAAATCGGTGCTGCTTTC/ACCCTCAGTGTAGTGACCCTTGGC

ITS1, ITS2 - TCCGTAGGTGAACCTGCGG/ TCCTCCGCTTATTGATATGC

PZR mahsulotlari tozalandi hamda izolyatlarning qaysi turlarga mansubligi ITS regioni va *tef-1α (EF), TUBB (Bt2)* genlari fragmenti bo‘yicha singer sekvens qilindi.

Olingan nukleotidlar ketma-ketligi ma’lumotlari qayta ishlandi va NCBI elektron ma’lumotlar bazasining *Fusarium* turlarining sekvenslari bilan solishtirilib, tekshirilayotgan izolyatlarning turi aniqlanadi.

Namangan viloyati Pop tumani g‘o‘za ekin maydonlarining tuproq qatlamlarida asosan *F. oxysporum, F. solani, F. brachygibbosum, F. equiseti, F. Proliferatum* kabi turlari va kasallangan o‘simliklarida *F. oxysporum, F. solani,* va *F. verticillioides* turlari ajratib olinganligi aniqlandi.

F. oxysporum zamburug‘ini 2 ta shtammining ITS regionlariga asoslangan tur sekvensi bo‘yicha olingan natijalar NCBI ma’lumotlar bazasida OR976459 va OR976455 ID raqamlari bilan ro‘yxatdan o‘tkazildi.

KARTOSHKA (*SOLNIUM TUBEROSUM*) *STPHYB* GENINING HARORATGA JAVOB REAKSIYASI

Xusanbayeva Sh.R., Usmanov D.E., Mirzaxmedov M.X.

O‘zR FA Genomika va bioinformatika markazi
O‘zbekiston, Toshkent viloyati, Qibray tumani, Universitet ko‘chasi, 2
e-mail: shakhnozakhusanbayeva@gmail.com

Harorat o‘simliklarning tarqalishi hamda ularning o‘sishi va rivojlanishida asosiy omil hisoblanadi. O‘simliklar asosan statik holatda bo‘lib, haroratning kichik farqlariga juda sezgir bo‘lib shunga mos ravishda o‘z shaklini o‘zgartirib boradi. Atrof-muhitning yuqori haroratlari ta’sirida yuzaga keladigan morfologik o‘zgarishlar to‘plami issiqlik kuchlanishi diapazonidan past bo‘lib, ular birgalikda termomorfogenez deb ataladi. Termomorfogenez o‘simliklar urug‘ining unib chiqish vaqti, noqulay iqlim sharoitidan himoya qilish va shu muhitlarga moslashish uchun yordam beradi. Issiq harorat, shuningdek, o‘simliklarning soyasi tufayli yuzaga keladigan past yorug‘lik darajasi

ildizlarning o‘sishiga yordam beradi, bu ko‘chatlarga issiqlik stressini va qo‘shni o‘simliklarning soyasidan qochish imkonini beradi. Termomorfogenez asosida yotgan molekulyar genetik sxemalarni tushunish iqlim o‘zgarishi sharoitida dolzarbdir, chunki bu bilimlar issiqqa chidamlik ekin navlarini yaratish va ko‘paytirish uchun asos bo‘ladi.

Yuqori harorat bilan bir qatorda past harorat ham o‘simliklarning o‘sishi va rivojlanishiga salbiy ta’sir ko‘rsatuvchi omil hisoblanadi. Evolutsiya natijasida o‘simliklar atrof muhit haroratining o‘zgarishiga moslashib borgan. Buning natijasida mo‘tadil iqlim sharoitida o‘suvchi o‘simliklar past haroratda o‘sishga adaptatsiya qilgan. Bunday noqulay sharoitlarga moslashishida bir necha genlar oilasining ahamiyati katta. Shunday genlar oilasidan biri bu fitoxrom genlar oilasidir. Ushbu oila vakillarining vazifalari ko‘pgina o‘simliklarda o‘rganilgan bo‘lib, ular o‘simliklarni o‘sish va rivojlanishi keng spektrida asosiy rol o‘ynashligi aniqlangan. So‘nggi yillarda olib borilgan tadqiqotlarga ko‘ra fotoretseptor genlar asosan yorug‘likning turli to‘lqinlariga javob bersada, ularning boshqa genlar bilan bog‘lanishi natijasida osimliklarning haroratga bo‘lgan javob reaksiyasida ham ishtrok etishini ko‘rsatdi. Xususan, *phyB* geni to‘g‘ridan-to‘g‘ri genlar promouter qisimlari bilan haroratga bog‘liq holda bog‘lanishi ilmiy manbalarda keltirilgan. Bu esa *PhyB* genini o‘simliklarda termosensorlik xususiyati boshqarilishida ishtrok etishini ko‘rsatadi.

Yuqorida keltirilgan malumotlardan kelib chiqib tadqiqotlarimizda kartoshka o‘simligida *StPhyB* genini CRISPR\Cas 9 texnologiyasi yordamida o‘rganishga qaror qilindi. Bu ishlar natijasida erta gullovchi va yuqori haroratga chidamli kartoshka o‘simliklarini olish rejalashtirilgan. Hozirda somatik embriogenez jarayonlari olib borilmoqda.

FAR1-RELATED SEQUENCE (*FRS*) GENLAR OILASI VAKILLARINING O‘SIMLIK RIVOJLANISHIGA TA’SIRI

Sharifjonov A.A.[1,2], Usmanov D.E.[1], Tashmuhammedova Sh.S.[2],
Sobirov B.M.[1], Butayev M.[1,2], Buriev Z.T.[1]

[1]O‘zR FA Genomika va bioinformatika markazi
O‘zbekiston, Toshkent viloyati, Qibray tumani, Universitet ko‘chasi, 2
[2]Mirzo Ulug‘bek nomidagi O‘zbekiston Milliy Universiteti
O‘zbekiston, Toshkent shahar, Olmazor tumani, Universitet ko‘chasi, 4
e-mail: abrorbeksharifjonov9@gmail.com

Yorug‘lik, harorat va suv o‘simliklarning rivojlanishi uchun eng muhim omillar hisoblanib, ekilgan urug‘larning unib chiqishi, ildiz hosil qilishi, gipkotilning uzayishi, barglarning o‘sishi, gullashi yoki ularning keyingi rivojlanishida asosiy rol o‘ynaydi.

Bu ta’sirlar ostida hujayra devori qalinlashadi, yupqalashadi va saqlanadi. Shu orqali dinamik o‘zgarishlarga sabab bo‘ladi. Hujayra o‘sishi hujayra devoridagi sellyuloza, gemitsellyuloza va pektinning shakllanishida ham ta’sir ko‘rsatadi. *FAR1-RELATED SEQUENCE (FRS)* genlar oilasining funksiyasini pasayishi o‘simliklarda hujayra uzayishiga ijobiy ta’sir ko‘rsatadi. Bu esa albatta o‘simliklarda gipokotil uzayishiga olib keladi. *FRS* genlar oilasi vakillari model o‘simlik *Arapidopsis thalianada* yaxshi o‘rganilgan bo‘lib, ularning 12 ta vakili aniqlangan. Ilmiy izlanishlar natijasida oddiy nur va uzoq qizil nur ostida o‘stirilgan o‘simliklarni taqqoslash shuni ko‘rsatdiki qizil nur ostida o‘stirilgan o‘simliklarda *FRS* genining ekspressiyalanishi oddiy nur sharoitda o‘stirilgan o‘simliklarga nisbatan yuqori ekanligi aniqlangan. So‘ngra qizil nur ostida o‘stirilgan o‘simliklarda nazorat ya’ni oddiy nur ostida o‘stirilgan o‘simliklarga nisbatan kech gullash va gipokotilning qisqarishi kuzatilgan. *A.thailana* o‘simligida *FRS* genlar oilasi vakillarini funksiyasini pasaytirilishi ularda gipokotil uzayishi va erta gullash holatlarini ko‘rsatgan.

Shu sababli ham biz qishloq xo‘jaligi uchun muhim hisoblangan g‘o‘za o‘simligida *FRS* genlar oilasi vakillarini aniqlash orqali ularning funksiyasini RNK interferensiyasi texnologiyasi yordamida o‘rganmoqdamiz. Hozirda g‘o‘zaning *G.hirsutum* turi genomida mavjud *FRS* genlar oilasi vakillarini aniqlash va ular ustida bioinformatik ishlar amalga oshirilmoqda.

POMIDOR *(Solanum lycopersicum)* O‘SIMLIGINING *TYLCV* VIRUSIGA CHIDAMLILIGINI OSHIRISH

Sultonova F.A.[1,2], Usmanov D.E.[2], Sobirov B.M.[2], Sharifjonov A.A.[1,2], Butayev M.I.[1,2], Alijonova M.T.[1,2], Abduvohidov.S.N.[1,2], Shermatov Sh.E.[2], Buriev Z.T[2].

[1]Mirzo Ulug‘bek nomidagi O‘zbekiston Milliy Universiteti
O‘zbekiston, Toshkent shahar, Olmazor tumani, Universitet ko‘chasi, 4
[2]O‘zR FA Genomika va bioinformatika markazi.
O‘zbekiston, Toshkent viloyati, Qibray tumani, Universitet ko‘chasi, 2
e-mail: farzonaaa08@gmail.com

Pomidor barglari sariq jingalak virusi (*TYLCV*) *Begomovirus* turkumi va *Geminiviridae* oilasiga kiradi. Bu virus tropik va subtropik mintaqalarda keng tarqalgan bo‘lib asosiy xo‘jayini pomidor o‘simligi hisoblanadi. Boshqa loviya (*Phaseolus vulgaris*), qalampir (*Capsicum annum*), qovoq (*Cucurbitapepo*), petuniya (*Petunia hybrida*), tamaki (*Nicotiana tabacum*) va lisianthus (*Eustoma grandiflorum*) shu kabi madaniy o‘simliklarni ham zararlashi kuzatuvlar natijasida aniqlangan. *TYLCV* ilk bor Isroilda 1930-yillarda aniqlangan bo‘lib hozirda dunyoning 30 dan ortiq mamlakatlarida pomidor yetishtiruvchi xo‘jaliklarga jiddiy zarar etkazmoqda.

TYLCV virusi 2787 nukliotid uzunligidagi bir zanjirli xalqasimon RNK molekulasidan iborat. Ushbu virusning asosiy tashuvchilari Aleyrodidae oilasi va *Hemiptera* turkumiga kiruvchi tamaki hisoblanadi. Bundan tashqari issiqxona oq qanot chivini (*Bemisia tabaci*) ushbu virusni asosiy tashuvchisi hisoblanib, kasallikning tarqalishi zararkunandalarning faol ko‘payishi bilan chambarchas bog‘liqdir.

Zararlangan pomidor o‘simlikning birinchi belgisi bu barglarining chetki qismlari sarg‘ayib, o‘rta qismlari esa quyuq yashil tusga kiradi. Buning natijasida barglar kichiklashib, o‘z o‘qi bo‘ylab buralib, jingalak shakilga kiradi.

TYLCV 90-100% gacha hosilni sezilarli darajada yo‘qotishiga olib kelishi mumkin. Bunday katta yo‘qotishlarga yo‘l qo‘ymaslik uchun virusga qarshi kurash analga oshirish kerak. Ushbu virusga qarshi kurashning asosiy nuqtasi o‘simliklarni

tamaki va issiqxona oq chivinlaridan himoya qilishdir. Kasallangan o‘simlikni ildizlari bilan qazib olib tashlash va yoqish kerak. Zararlanmagan o‘simliklarni esa mis elementi aralashgan preparatlar bilan ishlash kerak. Lekin, hozirgi vaqtda bunday usullar ushbu virusning tez tarqalishi tufayli samarasiz deb hisoblanadi. Zamonaviy texnologiyalar asosida preparatlarning yangi avlodini olinishi shu kabi virusli kasalliklarga bo‘lgan kurash samarasini keskin oshiradi.

Yuqorida keltirilgan ma’lumotlardan kelib chiqib tadqiqotlarimizda pomidor o‘simligiga zarar yetkazuvchi pomidorning sariq jingalak bargi virusini (*TYLCV*) virusini genomlarini bioinformatik taxlil qilish yordamida o‘simliklarga zarar keltirishda faol ishtirok etuvchi genlarini aniqlash va shu genlar asosida virus faoliyatini to‘xtatuvchi vektor konstruksiyalar olishni maqsad qilib qo‘yildi. Hozirda gen bazalarida mavjud *TYLCV* genomlarini bioinformatik taxlil qilish ishlari olib borilmoqda.

O‘ZBEKISTONDA MTHFR C677T VA A1298C POLIMORFIZMINING HOMILA TUSHISHI BILAN KORRELYATSIYASINI O‘RGANISH

Raxmatullayev A.I.[1], Mirakbarova Z.M.[1,2], Esonova G.U.[1], Abdunabiev A.A.[1], Sodiqova M.O.[1], Atamuratova G.G.[2], Meylikov X.Y.[2], Abduraximov A.A.[1,2], AbdullayevA.A.[1]

[1]Oliy ta’lim, fan va innovatsiyalar vazirligi huzuridagi Ilg‘or texnologiyalar markazi
O‘zbekiston, Toshkent, Olmazor tumani, Universitet ko‘chasi, 3A
e-mail: info@cat-science.uz
[2]O‘zMU huzuridagi Biofizika va Biokimyo instituti
O‘zbekiston, Toshkent, Olmazor tumani, Talabalar ko‘chasi, 174
e-mail: ibb-nuu@mail.ru

Dunyoda homiladorlarning 15 % qismida homila tushishi kuzatilib, 4,2 % gacha bo‘lgan homiladorlarda 2 va undan ko‘p marotaba homila tushishi sodir bo‘ladi. Homila tushishiga bir qancha omillar: ayolning yoshi, yurak-qon tomir kasalliklari, qandli diabet, xronik kasalliklar, zararli odatlar, genetik omillar, infeksiya va boshqa tashqi muhit omillari ta’sir ko‘rsatadi. Hozirgi kunda homila tushishi bilan

assotsialangan 50 dan ortiq SNP markerlari aniqlangan. Metilenhidrofolat reduktaza (MTHFR) foliy kislota siklining asosiy fermenti bo‘lib, folatni 5-metiltetrahidrofolatga aylantiradi. Foliy kislotasi homiladorlikning dastlabki bosqichlarida embrionning nerv nayi shakllanishida muhim rol o‘ynaydi. MTHFR C677T (Ala222Val) (rs1801133) hamda MTHFR A1298C (Glu429Ala) (rs1801131) polimorfizmlari Metilenhidrofolat reduktaza fermenti faolligining pasayishiga olib keladi. Bu esa foliy kislotasining yetarli o‘zlashtirilmasligiga sabab bo‘ladi. Homiladorlikning dastlabki bosqichlarida foliy kislotasining yetishmasligi embrionning orqa miya nerv nayi shakllanishining buzulishiga va anensefaliyaga sabab bo‘ladi. 50 % holatlarda ushbu bosqichda foliy kislota yetishmasligi erta homila tushishiga sabab bo‘ladi.

Material va metodlar. 79 nafar homila tushishi kuzatilgan ayollardan va 111 nafar homila tushishi kuzatilmagan nazorat guruh ayollardan periferik venoz qon namunalari olindi. Olingan qon namunalaridan Fenol:xloroform:izoamil spirti metodi yordamida genom DNK ajratildi. Aratilgan DNK namunalari 30-60 ng/µl miqdorda normallashtirildi. Infinium Global Screening Array (Illumina) texnologiyasidan foydalanilgan holda genotiplandi.

Olingan natijalar. MTHFR C677T (rs1801133) polimorfizmida G va A allellarining uchrash chastotasi homila tushishi kuzatilgan ayollarda mos ravishda 73,42 % va 26,58 % ni, nazorat guruhida esa mos holatda 74,77 % va 25,23 % ni tashkil etdi. GG gomozigota genotipning homila tushishi kuzatilgan ayollar va nazorat guruhida uchrash chastotasi mos ravishda 54,43 % va 54,05 %, GA genotip mos holatda 37,97 % va 41,45 %, AA gomozigota genotip esa mutanosib ravishda 7,6 % va 4,5 % (p-qiymat=0,5969). MTHFR A1298C (rs1801131) polimorfizmida nazorat guruhi va homila tushishi bo‘lgan ayollarda TT genotipning uchrash chastotasi mos ravishda 51,9 % va 45,95 % ni, TG geterozigota genotip 34,17 % va 41,45 %, GG genotip esa 13,93 % va 12,6 % ni tashkil etdi (p-qiymat=0,5969). T va G allelarining uchrash chastotasi homila tushishi kuzatilgan ayollarda 68,98 % va 31,02 %, nazorat guruhida

esa mos ravishda 66,67 % va 33,33 % ekanligi aniqlandi. Yuqoridagi ma’lumotlardan kelib chiqib homila tushishi bilan MTHFR C677T va A1298C polimorfizmlarning korrelyatsiyasi aniqlanmadi.

KSILAN O-ASETILTRANSFERAZA 1 SINTEZINI O‘ZGARTIRISH ORQALI OLINGAN SOYA LINIYALARINING MORFO-BIOLOGIK O‘ZGARISHLARINI BAHOLASH NATIJALARI

Yusupov A.N., Ayubov M.S., Mamajonov B.O., Obidov N.Sh., Murodov A.A., Bashirxonov Z.X., Kamalova L.X.

O‘zR FA Genomika va bioinformatika markazi
O‘zbekiston, Toshkent viloyati, Qibray tumani, Universitet ko‘chasi, 2

Qishloq xo‘jaligi ekinlari orasida qurg‘oqchilikka eng sezgiri soya hisoblanadi. Suv yetishmasligi stressi tufayli soya hosilining pasayishi uning genotipi, rivojlanish bosqichi, hamda stressining davomiyligi va og‘irlik darajasiga bog‘liq. Soyada o‘sishning dastlabki bosqichlari, urug‘larni unib chiqishidan to gullashgacha bo‘lgan davrda qurg‘oqchilik stressining ta’siri reproduktiv bosqichga qaraganda kamroq seziladi. Quyida, CRISPR/Cas9 tizimi yordamida ksilan o-asetiltransferaza 1 (XOAT 1) sintezini o‘zgartirish orqali olingan soyaning mutant liniyalari va bir qator mahalliy va xorijiy soya navlarining O‘zbekiston iqlim sharoitida morfo-fiziologik ko‘rsatkichlarini o‘rganish va aniqlash uchun tajriba o‘tkazildi.

Ush bu tajriba 2022-2023 yillar ekin mavsumida Toshkent viloyati Qibray tumanida joylashgan Genomika va bioinformatika markazining dala tajriba maydonida o‘tkazildi. Bu hudud mo‘tadil iqlimga ega. Yillik o‘rtacha yog‘in miqdori 12-26 mm bo‘lib, uning ko‘p qismi kech kuzdan erta bahorgacha tushadi. Sinov maydonchasidagi tuproq turi och tusli bo‘z tuproq. Ushbu tajriba alohida ajratilgan ikkita maydonda amalga oshirildi. Tajribada Andijon don va don-dukkakli ekinlar ilmiy tekshirish institutidan va O‘zbekiston o‘simliklar genetik resurslari ilmiy-tadqiqot institutidan olingan 5 ta soya navlari (“O‘zbekslaya-2”, “Zamin”, “Gavhar”, “To‘maris”, va “Vilana)” va ksilan o-asetiltransferaza 1 sintezi o‘zgartirilgan liniyalardan foydalanildi.

Namunalar gullash, qo‘zoq hosil qilish va urug‘ to‘lish bosqichlarida suv tanqisligi sharoitida sinaldi.

Natijalar tahlili shuni ko‘rsatdiki, qurg‘oqchilik stressi va genotipni o‘simlik balandligiga ta’siri sezilarli bo‘lgan. O‘simlik poyasining o‘sishini sekinlashishi hosil shoxlarini shakllanish davrida kuchli sezildi. Ayniqsa, suv tanqisligi hosil shoxlarini baquvvatligi va ularni balandligiga kuchli ta’sir qildi. Ayrim navlarda (“Zamin”) hosil shoxlarini to‘kilishi kuzatildi. Bu reaksiya o‘simliklarni qurg‘oqchilikka chidamlilik mexanizmidan kelib chiqqan bo‘lishi mumkin. “To‘maris” va “Vilana” navlarida o‘simlik balandligi sezilarli darajada farq qilmadi, ammo, “Gavhar” (59.2) va “Zamin” (66.8) navlarida boshqa navlarga nisbatan sezilarli farq kuzatildi. Mutant liniyalarni boshlang‘ich materiallarga (“To‘maris”, “O‘zbekslaya-2”) xos bo‘lgan morfologik belgilar saqlanib qolgan holda, suv tanqisligiga nisbatan chidamlilikni namoyon qildi. Ularda hosil shoxlarini to‘kilishi 1-2% foizni tashkil qildi.

Qurg‘oqchilik stressi har bir o‘simlikdagi dukkak va urug‘larni shakillanishiga ham jiddiy ta’sir ko‘rsatdi. Xususan, “Zamin”, “Gavhar” hamda “To‘maris” navlarida to‘liq yetilgan urug‘larga ega dukkaklar soni sezirlarli darajada kamaygan. Ammo mutant liniyalarda uchta urug‘li dukkaklar soni kamayib, ikkita to‘la yetilgan urug‘li dukkaklar soni ortgan.

Yuzta urug‘ning vazni bo‘yicha farqlarni tahlil qilish shuni ko‘rsatdiki, qurg‘oqchilik stressi urug‘larni to‘ldirish bosqichida hosilning pasayishiga eng katta ta’sir ko‘rsatadi. Tajribada olingan mutant liniyalarda 100 dona urug‘ vazni 16,30 g, “To‘maris” navida 16,03 g hamda “Vilana” navida 14,87 g ni tashkil qildi. Qolgan navlarda bu ko‘rsatkich ancha pastlagan bo‘lib, ularning ko‘rsatkichi 11,6-12,2 g oralig‘ida. Bu suv tanqisligi bo‘lmagan sharoitga nisbatan 1,5-2,8 gramm kam degani.

Xulosa sifatida shuni aytish mumkinki, ksilan o-asetiltransferaza 1 sintezini o‘zgartirish orqali soya navlarida qurg‘oqchilikka nisbatan chidamlilikni oshirish ehtimolligi oshadi. Tajribalarimiz davomida ushbu genlar ekspressiyasi va mutasiya hududlari to‘liq o‘rganiladi va gen tavsiflanadi.

MOLEKULYAR BIOLOGIYANING HOZIRGI KUNDAGI AHAMIYATI

Xalquziyeva M.A., Kamolova S.N., Mirzakomilova S.M.

Jizzax Politexnika Instituti
O‘zbekiston, Jizzax viloyati, Jizzax, Islom Karimov shoh ko‘chasi, 4
e-mail: asatullayevnamohira@gmail.com

So‘ngi yillarda dunyoda biologiya sohasidagi erishilayotgan katta yutuqlar molekulyar biologiyaning tadqiqotlar va taraqqiyotni rivojlantirishga o‘rni alohida hisoblanadi.

Molekulyar biologiya biokimyo va genetika chorrahasida joylashgan, bu ilmiy fanlar 20-asrda paydo bo‘lib, rivojlanib borar ekan, ularning ikkalasi ham hujayraning hayotiy funksiyalari asosida yotgan molekulyar mexanizmlarni aniqlashga intilishlari aniq bo‘ldi. Molekulyar biologiya sohasidagi yutuqlar yangi texnologiyalarni ishlab chiqish va ularni optimallashtirish bilan chambarchas bog‘liq.

2020-yillarning boshida molekulyar biologiya ham vertikal, ham gorizontal texnik rivojlanish bilan belgilanadigan oltin asrga kirdi. Vertikal ravishda, yangi texnologiyalar atom darajasida biologik jarayonlarni real vaqt rejimida kuzatish imkonini beradi. Bugungi kunda molekulyar biologlar yangi model bo‘lmagan organizmlarda yangi genetik manipulyatsiya usullarini ishlab chiqishni osonlashtirib, borgan sari yuqoriroq chuqurliklarda tobora arzon bo‘lgan ketma-ketlik ma’lumotlariga kirish imkoniga ega.

Molekulyar biologiya sohasi biologiya va kimyo, xususan, genetika va biokimyo bilan bir-biriga mos keladi. Molekulyar biologiyaning asosiy yo‘nalishi turli xil hujayra tizimlarining DNK, RNK va oqsil sintezi funksiyasi nuqtai nazaridan o‘zaro ta’sirini tushunish bilan bog‘liq.

Molekulyar biologiya virus genomining tuzilishi va funksiyasiga katta e’tibor qaratdi. Bir qarashda, bu virus genomlarining juda xilma-xilligini ta’kidlaydi. Yaqinroq o‘rganilsa, o‘xshashlik va birlashtiruvchi mavzular yanada aniq bo‘ladi. Virus genomlarining uchlaridagi ketma-ketliklar va tuzilmalar qaysidir ma’noda ulardagi noyob kodlash hududlariga qaraganda funksional jihatdan muhimroqdir.

Hozirgi davrda molekulyar biologiya oldida xavfli o‘smalar va irsiy kasalliklarning molekulyar muammolarini o‘rganish, ularning oldini olish, katalitik reaksiyalar, gormonlar, zaharli va dorivor moddalar ta’sirining molekulyar mexanizmlarini aniqlash, xotira mexanizmi va nerv jarayonlari tabiatini aniqlash kabi muammolarni hal qilish vazifalari turibdi. Molekulyar biologiya biokimyo, biofizika, bioorganik kimyo va biotexnologiya bilan birga biologiyaning bitta umumiy yo‘nalishi bo‘lgan fizik-kimyoviy biologiyaga kiradi.

Insoniyat duch kelayotgan muammolarning aksariyati insoniyat asrlar davomida yengib kelgan takrorlanuvchi muammolar bo‘lib, ochlik, kasallik, xom-ashyoga bo‘lgan ehtiyoj va kasalliklarni oldini olishda molekulyar biologiyada erishilayotgan yutuqlar hayotimiz sifatini keskin yaxshilash imkonini berdi.

ҒЎЗАНИНГ ФУЗАРИОЗ ВИЛТ КАСАЛЛИГИГА ЧИДАМЛИ НОМЗОД ГЕНЛАРНИ БИОИНФОРМАТИК ТАҲЛИЛИ

Хусенов Н.Н.[1], Норбеков Ж.К.[1], Кушанов Ф.Н.[2]

[1]Геномика ва биоинформатика маркази
Ўзбекистон, Тошкент вилояти, Қибрай тумани, Университет кўчаси, 2
[2]ЎзР ФА Генетика ва ўсимликлар экспериментал биологияси институти
Ўзбекистон, Тошкент вилояти, Қибрай тумани, Юқори юз
e-mail: naimxusenov@gmail.com

Ғўза геномининг биоинформатик дастурлар асосида таҳлил қилиш натижасида абиотик, биотик ва миқдорий белгиларга жавоб берувчи генларни таҳрирлаш имконияти мавжуд. Ҳозирда дунёнинг 87028 дан ортиқ организм геноми тўлиқ секвенирланиб, NCBI маълумотлар базасига жойлаштирилган. Хусусан, дунё олимлари томонидан ғўзанинг *Gossypium* L. туркумига мансуб 29 та турининг геномини секвенирланган бўлиб, улар асосида кўплаб маълумотлар илмий мақолаларида эълон қилинган ва геномлари NCBI маълумотлар базасига жойлаштирилган.

Ўрта толали *G.hirsutum* ғўза турининг геноми тўлиқ секвенирланганлиги, геном ҳудудларининг қимматли хўжалик белгиларига жавобгар генларини

идентификация қилиш, биоинформатика усуллари ва генетик маълумотлар базаларидан фойдаланиб, уларнинг аниқ бир белгига жавоб беришини аниқлаш имкониятини яратади.

Ушбу тадқиқотда фузариозли вилт касаллигига генетик бириккан JESPR220, BNL3255, BNL3977, BNL4082, NAU1014 микросателлит маркерлар (QTLлар) номзод генларни башорат қилиш (candidate gene prediction) таҳлилларига жалб этилди. *In silico* ПЗР таҳлили UGENE 1.20 биоинформатик дастурий пакети ёрдамида амалга оширилди. Маркерларнинг ғўза геном ҳудудидаги жойлашувуни аниқлаш учун TM1 ва 3-79 ғўза линияларининг тўлиқ секвенс маълумотидан фойдаланилди. Таҳлил натижаларига биноан AUGUSTUS (version 3.3.3) веб-иловаси ёрдамида идентификацияланган генлар тахминий миқдори бўйича қуйдаги жадвалда келтирилган ген ва траскриптлар аниқланди.

Хулоса ўрнида, мазкур биоинформатик таҳлиллар асосида амплификацияланган ғўзанинг геном участкаларида айнан фузариоз вилт касаллигига жавобгар ген ва оқсиллар жойлашганлиги идентификация қилинди.

ОПРЕДЕЛЕНИЕ ОСТРОЙ ТОКСИЧНОСТИ И LD_{50} RNAi ЛИНИЙ ХЛОПЧАТНИКА

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

Центр Геномики и биоинформатики АН Руз
Узбекистан, Ташкентская область, Кибрайский район, ул. Университетская, 2
e-mail: venera.k75@gmail.com

Согласно международным документам первым этапом оценки общей токсичности ГМО является выявление острой токсичности с определением полулетальной дозы (LD_{50}). В связи с этим была исследована сравнительная острая токсичность продуктов переработки семян ГМ-хлопчатника.

Учитывая отсутствие в доступной литературе данных о токсикологических свойствах новых линий сорта хлопчатника при поступлении

в организм, на первом этапе экспериментальных исследований новых химических веществ необходимо начинать с острого опыта на теплокровных животных, нами были изучены токсические свойства указанных выше образцов 3 линий хлопчатника (2 трансформированные ГМ-линии хлопчатника RNAi_FRS10 и pSyn-FoSTUA и 1 контрольная линия Кокер-312) при однократном их поступлении в организм энтерально в виде растертых в ступе семяни изучаемых образцов хлопчатника и смешанных с дистиллированой водой до состояния суспензии в дозах 2000, 3500 и 5000 мг/кг веса животных. При этом принцип и порядок проведения оценки острой токсичности осуществлялся по требованиям международного руководства по оценке острой токсичности OECD. Длительность наблюдения за опытными животными согласно Руководству OECD составляла 14 дней.

Сразу после введения указанных образцов не отмечено беспокойства животных однако животные кучковались, к третьему часу наблюдения животные охотно поедали корм и на раздражители проявляли активную реакцию, признаков интоксикации и гибели подопытных животных в последующие 14 суток наблюдения не отмечено, динамика прибавления в весе была стабильной, клинических проявлений отравления от возможного накопления изучаемых образцов 3 линий хлопчатника в их организме не наблюдалось.

Таким образом, средняя полулетальная доза (LD_{50}) исследуемых образцов 4 линий хлопчатника (2 трансформированные ГМО и 1 контрольная линия) для животных, взятых в эксперимент, не достигнута (табл. 3.1). Не установлено различий в чувствительности крыс к образцам хлопчатника в зависимости пола.

Для оценки токсикокинетических свойств изучаемых образцов 4 линий хлопчатника, исследовалась морфологическая картина крови через 2 часа, 24 часа, 72 часа, 7 и 14 суток после введения. Полученные результаты показали, что через 2 часа после затравки наблюдалось тенденция к изменению количества лейкоцитов, к отклонению амилазных трансфераз. А уже через 24 часа у животных все гематологические показатели восстановились до исходных

величин. На основании проведенного анализа полученных данных были определены наиболее информационные показатели крови для наблюдения в долгосрочных экспериментах.

Анализируя даные экспериментальных исследований при однократном внутрижелудочном образцов 3 линий хлопчатника (2 трансформированные ГМО и 1 контрольная линия), можно сделать вывод об их не токсичности в остром эксперименте.

Таким образом, результаты наблюдений за экспериментальными животными в периоде после острого отравления позволяют отнести 3 линии хлопчатника (2 трансформированные ГМ-линии хлопчатника RNAi_FRS10 и pSyn-FoSTUA и 1 контрольная линия Кокер-312) к малоопасным препаратам (IV класс опасности по ГОСТ 12.1.007) и они не классифицируется как токсичные (5 класс по Руководству OECD).

G‘O‘ZA (*G.HIRSUTUM* L.) TURIDA ABIOTIK STRESS OMILLARGA CHIDAMLILIKNI OSHIRISH

Ziyodov O.T.[1], Usmanov D.E.[2], Sobirov B.M.[2],
Qodirova Z.A.[1], Butayev M.[1,2], Buriev Z.T.[1]

[1]Mirzo Ulug‘bek nomidagi O‘zbekiston Milliy Universiteti
O‘zbekiston, Toshkent shahar, Olmazor tumani, Universitet ko‘chasi, 4
[2]O‘zR FA Genomika va bioinformatika markazi
O‘zbekiston, Toshkent viloyati, Qibray tumani, Universitet ko‘chasi, 2
e-mail: odilbekziyodov11@gmail.com

Hozirgi vaqtda butun dunyoda iqlim o‘zgarishlari bilan bog‘liq muammolar tobora kengayib bormoqda. Haroratning ko‘tarilishi, tuproqning sho‘rlanishi va ifloslanishi, cho‘llanish ortidan yuzaga keladigan oziq-ovqat tanqisligi xavfi ortib bormoqda.

Tadqiqotlarga ko‘ra, respublikadagi sug‘oriladigan yerlarning qariyb 53 % i turli darajada sho‘rlangan. Qishloq xo‘jaligi ekinlari orasida g‘o‘za maydoni 1 million gektar dan ortiq maydonni tashkil etadi. Ushbu ekin maydonining 40 % i sho‘rlangan

yerlarga to‘g‘ri keladi. Bu esa g‘o‘za o‘simligidan olinadigan hosilni kamayishiga sabab bo‘ladi. Bu kabi muammolarni yechishda qurg‘oqchilikka va tuproq sho‘rlanishiga qarshi o‘simlik navlarini olishda biotexnologik usullardan foydalanish samarali yo‘llardan hisoblanadi. Shu maqsadda hozirda biz o‘simliklardagi *UGT* (*UDP glikosiltransferaza*) genlar oilasini g‘o‘za o‘simligidagi funksiyasini o‘rganmoqdamiz.

UGT (*UDP glikosiltransferaza*) yuksak o‘simliklardagi eng katta glikosiltransferaza genlari oilasi bo‘lib, ikkilamchi metabolitlarni, gormonlarni va ksenobiotiklarni sintezlanishida ishtirok etadi. Ushbu genlar oilasi vakillarini o‘simliklar rivojlanishida biokimyoviy, fiziologik rollarini aniqlashga qaratilgan ilmiy tajribalar ko‘pligiga qaramay, oilaning ko‘pchilik vakillari hali ham funksional jihatdan tavsiflanmaganligicha qolmoqda. Lekin ushbu oila vakillari o‘simiklarda abiotik va biotik omillarga chidamlilikni oshirishda muhim nomzod genlardan ekanligi adabiyotlarda keltirilgan. Ularning katalitik o‘ziga xosligi va funksiyasini tushunish uchun filogenetik tahlillar asosan *A.thalinada* amalga oshirilgan.

Ilmiy tadqiqotlarda olib borilgan tajribalardan kelib chiqib ushbu genlar oilasi vakillarini g‘o‘za o‘simligida o‘rganishga qaror qilindi. Hozirda ushbu genlar oilasi vakillari ustida solishtirma bioinformatik tahlillar olib borilmoqda.

GO‘ZADA FITOXROM A (*PHYA*) GENINI ZAMONAVIY BIOTEXNOLOGIK YO‘LLAR BILAN TAHRIRLASH

Yusupov H.N., Mirzaxmedov M.X., Abdullaev A.N., Bolkiyev A.A., Arzikulov I.A., Ubaydullaeva X.A.

O‘zR FA Genomika va bioinformatika markazi
O‘zbekiston, Toshkent viloyati, Qibray tumani, Universitet ko‘chasi, 2
e-mail: humoyun.yusupov10@gmail.com

Hozirgi kunda dunyo bo‘yicha yiliga 26-27 mln tonna paxta yetishtiriladi. Ushbu mahsulotga bo‘lgan ehtiyoj esa, albatta, yildan yilga oshib bormoqda. Shundan kelib chiqqan holda, ushbu talabni qondirish maqsadida paxta hosilini hamda tola sifatini oshirishga qaratilgan bir qancha ishlar amalga oshirilyapti. Buning uchun albatt yuqori

hosildor paxta navlarini yaratishda biotexnologiya, genetik injineriya va molekulyar biologiya fan yutuqlaridan foydalanish muhimdir.

Bizga ma’lumki, o‘simliklarda *Phytochrome A (phyA)* geni bir qancha muhim funksiyalarni amalga oshiradi. Umuman olganda, fitoxrom A geni o‘simlikning o‘sishi, rivojlanishi va atrof-muhit belgilariga, xususan, yorug‘lik signallariga javobining turli tomonlarini tartibga solishda ko‘p qirrali rol o‘ynaydi. G‘o‘za turlarida *phy*A genining funksiyasini tushunish ushbu iqtisodiy jihatdan muhim ekinning hosildorligi, tola sifati va stressga chidamliligini oshirishga qaratilgan dasturlar uchun qimmatli ma’lumot beradi. Fitoxrom A geni eskpressiyasi yoki faolligini biotexnologik yo‘l orqali manipulyatsiya qilish qishloq xo‘jaligida paxta unumdorligi va chidamliligini optimallashtirish imkoniyatini beradi.

Olimlar paxtada fitoxrom A (*phyA*) genini tahrirlashni, birinchi navbatda, an'anaviy mutagenez va gen muhandislik usullari orqali amalga oshirishgan.

Yuqorida sanab o‘tilgan texnologiyalar yordamida genlarni tahrirlash ko‘p mehnat va vaqt talab qiladi hamda texnik jihatdan murakkab usullar hisoblanadi. Shundan kelib chiqib hozirgi kunda qulayligi va samaradorligi jihatidan muhim hisoblangan CRISPR texnologiyasidan foydalanish dolzarb bo‘lmoqda. CRISPR texnologiyasi paxtada maxsus genlarni, jumladan, *phyA* genini tahrirlash uchun yanada samarali, aniq va ko‘p qirrali vosita hisoblanadi va o‘simliklar genetikasi va ekinlarni yaxshilash sohasida katta natijalarga erishish mumkin. Ushbu usul yordamida g‘o‘zadagi fitoxrom A (*phyA*) genini tahrirlash g‘o‘za navlarida agrotexnik xususiyatlar, stressga chidamlilik va tola sifatini yaxshilashga qaratilgan maqsadli genetik modifikatsiyalar ta’minlanadi.

Markazimiz olimlari tomonidan yaratilgan RNAi liniyalarda phyA1 genini ~70% susaytirib tola uzunligi va sifati dunyo bozorida qimmatli sanalgan ingichka tolaga yaqin maxsulot olishgan. Ushbu tajribani mantiqiy davomi sifatida phyA1 va phyA2 genlarini alohida hamda birgalikda CRISPR usulidan foydalanib to‘liq o‘chirish orqali g‘o‘zada phyA genini funksiyasini yanada chuqurroq tahlil qilinmoqda.

БИОИНФОРМАТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ ВЗАИМОДЕЙСТВИЯ ЦИТОСКЕЛЕТА С МЕМБРАННЫМИ ФЕРМЕНТАМИ: ВЛИЯНИЕ НА АКТИВНОСТЬ Na^+/K^+-АТФ$_{азы}$ И АЦЕТИЛХОЛИНЭСТЕРАЗЫ В МЕМБРАННЫХ ПРЕПАРАТАХ ЭРИТРОЦИТОВ КРЫС, ЛИШЕННЫХ СПЕКТРИН-АКТИНОВОЙ СЕТИ, С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ PYTHON

Абдурахимов А.А.

ФГАОУ ВО Тюменский Государственный Университет
институт сельскохозяйственной и экологической биологии (X-BIO)
Российская Федерация, Тюмень г., ул. Ленина, 25
e-mail: az.abdurakhimov@gmail.com

Цитоскелет составляет основу клеточной структуры, обеспечивая не только её форму и целостность, но и регулируя ключевые процессы, такие как миграция, деление и передача сигналов. Он играет важную роль во взаимодействии с мембранными ферментами, включая ацетилхолинэстеразу (АХЭ) и натрий-калиевую АТФазу (Na^+/K^+-АТФазу). АХЭ критична для нервной трансмиссии за счёт гидролиза ацетилхолина, в то время как Na^+/K^+-АТФаза поддерживает ионный баланс и осмотический гомеостаз клетки, ключевые для её жизнедеятельности.

Целью данного исследования является анализ влияния структурных изменений в цитоскелете на активность и кинетические параметры двух ключевых мембранных ферментов – натрий-калийной АТФазы (Na^+/K^+-АТФаза) и ацетилхолинэстеразы (АХЭ), с использованием биоинформатических методов и инструментария на основе Python.

Особо значимым аспектом нашего подхода стало использование специализированных биоинформатических алгоритмов для анализа кинетических свойств двух ключевых мембранных ферментов: натрий-калиевой АТФазы (Na^+/K^+-АТФазы) и ацетилхолинэстеразы (АХЭ). Использование программных инструментов на базе Python, таких как библиотека pandas для обработки данных, re для работы с регулярными выражениями и модуль os для управления файловой системой, способствовало эффективной автоматизации

анализа, значительно ускоряя процесс выявления взаимосвязей между структурными изменениями цитоскелета и активностью ферментов. В ходе исследования мы выявили, что дестабилизация спектрин-актиновой сети ведет к значительному уменьшению активности АХЭ на 30% и к изменению активности Na^+/K^+-АТФазы на 50%. Полученные результаты подчеркивают критическую роль структурных элементов цитоскелета в регулировании активности мембранных ферментов.

Для количественного подтверждения этих результатов применили модельную функцию *f(S,Vmax,Km)*, которая описывает зависимость скорости ферментативной реакции от концентрации субстрата *S*, максимальной скорости реакции *Vmax* и константы Михаэлиса *Km*, анализируя экспериментальные данные. Использование функции *curve_fit* из библиотеки *scipy.optimize* позволило эффективно применить модель к экспериментальным данным и определить оптимальные значения этих параметров. В результате были построены графики, иллюстрирующие зависимость скорости реакции от концентрации субстрата, что обеспечило наглядное представление экспериментальных результатов. Кроме того, был создан график в координатах Лайнуивера-Берка (двойного обратного преобразования) для более углубленного анализа кинетических параметров, что позволило подтвердить первоначальные выводы о влиянии цитоскелета на активность мембранных ферментов. На основе разработанного специализированного программного кода мы смогли подтвердить наши первоначальные гипотезы и получить новое понимание о сложном взаимодействии между цитоскелетом и мембранными ферментами.

Таким образом, используя методы биоинформатики, был проведен детальный анализ экспериментальных данных, что позволило нам с высокой точностью выявить закономерности, связанные с взаимодействием цитоскелета и мембранных ферментов.

КЎКРАК БЕЗИ САРАТОНИДА PR МАРКЕРИ ВА TP53 ГЕН RS17884159 ПОЛИМОРФИЗМИНИ БОҒЛИҚЛИК АҲАМИЯТИ

Авезов Н.Ш.[1], Қодирова Д.А.[2], Максудова А.Н.[4], Бобоев К.Т.[3]

[1]Ў ЎзР ФА академик О.С.Содиқов номидаги Биоорганик кимё институти
Ўзбекистон, Тошкент шаҳар, Мирзо Улуғбек кўчаси, 83
[2]М.Улугбек номли ЎзМУ хузуридаги Биофизика ва биокимё институти
Ўзбекистон, Тошкент шаҳар, Олмазор тумани, талабалар кўчаси, 174
[3]ЎзР ССВ РИ гематология илмий-амалий тиббиёт маркази
Ўзбекистон, Тошкент ш., Чилонзор т., Арнасой кўчаси, 16/1А
[4]Тошкент Фармацевтика институти
Ўзбекистон, Тошкент ш., Миробод т., Ойбек кўчаси, 45
e-mail: nodir-ibh@mail.ru

Кўкрак бези саратони (КБС) дунёдаги аёллар орасида ўлимга олиб келадиган энг кўп учрайдиган касалликлардан бири. КБС даволанишини такомиллаштиришда турли хил генетик, эпигенетик ва полиморфик ўзгаришлар муҳим аҳамиятга эга. КБС ташхислашда иммуногистокимё (ИГК) усул алоҳида ўрин тутади. ИГК усулида аниқлаш ўсманинг хусусиятини дифференциал диагностика қилишга, ўсманинг гормонларга сезгирлигини аниқлаш имкониятини беради. Ушбу таҳлил бизга даволанишни бошқариш ва такомиллаштириш, шунингдек, самарадорлигини баҳолаш имконини беради. Прогестерон рецепторлари юқори бўлган ўсмалар фарқланади. Улар кам пролефератив фаолликка эга ва агрессив бўлмаган йўл билан тавсифланади. Бундай кўрсатқичларга эга бўлган ўсмалар гормон терапияга яхши таъсир кўрсатади ва натижаси ҳам шунга хос бўлади. Ҳозирда КБС ривожланишининг молекуляр механизмларини ўрганиш, соматик мутацияга сабаб бўладиган TP53 генни текшириш ва унинг rs17884159 полиморфизмни аниқлаш натижасида, касалликни эрта ташхислаш ва даволаш имкониятлари мавжуд бўлмоқда.

Тадқиқот мақсади ИГК текширув ўтказилган КБС беморларида PR маркер ва TP53 гени rs17884159 полиморфизмни боғлиқлик механизмларининг таҳлил қилиш.

Тадқиқот учун 42 нафар ИГК текширув ўтказилган КБС ташхиси қўйилган

бемор аёллар олинди. Ўрганилаётган наъмуналар периферик қонидан “АмплиПрайм Рибо-преп” (ООО «Некст Био», Россия) ва “Diatom ™ DNA Prep 100” (Лаборатория Изоген, Россия) тўпламлари ёрдамида ДНК ажратилди. ДНК миқдорини ва сифати NanoDrop 2000 (Thermo Fisher Scientific, АҚШ) спектрофотометр ёрдамида текширилди. TP53 ген rs17884159 полиморфизми Синтол (Россия) генетик тест-тўплами ёрдамида ишлаб чиқарувчиларнинг кўрсатмаларига мувофиқ текширилди. Полимераза занжирли реакция Rotor-Gene Q (QIAGEN Hilden, Germany) амплификаторида амалга оширилди.

Тадқиқотда 42 нафар КБС беморларини ИГК, яъни PR рецептори маркёри ва TP53 гени rs17884159 полиморфизми орасида боғлиқлик аҳамиятининг таҳлили ўтказилди. Ушбу беморлардан 17 нафари C/C генотипли аёллар бўлиб, шулардан 12 нафари (70,6 %) PR рецептори ижобий ва қолган 5 нафарида (29,4 %) салбий кўрсаткичлар аниқланди. Шундай қилиб, тадқиқотда КБС аёлларининг 70,6 % гормон терапия самарали, қолган 29,4 % аёлларда ушбу терапия самарасиз ўтиши аниқланди. Шунингдек, тадқиқотдаги C/T генотипли аёллар 19 нафарни ташкил этди. Шулардан 12 нафарида (63,2 %) PR рецептори ижобий ва қолган 7 нафарида (36,8 %) салбий кўрсаткичлар кузатилди. Шундай қилиб, беморлардан 63,2 % гормон терапияга таъсирчанлиги самарали ва қолган 36,8 % бемор аёлларда ушбу терапияга таъсирчанлиги самарасиз эканлиги аниқланди. Мутант T/T генотипи таҳлил қилинганида, 6 нафар беморлардан 2 нафарида (33,3 %) мусбат ва қолган 4 нафар (66,7 %) беморларда манфий PR рецептори кўрсаткичлар аниқланди. Демак, ушбу аёлларнинг 33,3 % гормон терапия ижобий ва қолган 66,7 % беморларда ушбу даволаниш салбий бўлиши аниқланди. Статистик таҳлил ўтказилганда $p>0.05$ эканлиги маълум бўлди.

Хулоса, ИГК текширувлар ўтказилган КБС бемор аёлларида, TP53 гени rs17884159 полиморфизми ва ИГК маркёрлари билан боғлиқлиги аниқланди. Биз ушбу TP53 гени rs17884159 полиморфизмини, ИГК ўтказилган КБС касаллигини прогнозлашда генетик маркёр сифатида қўллаш мумкин деб хисоблаймиз.

ҒЎЗАНИНГ ХРОМОСОМАСИ-АЛМАШГАН CS-B04_UZ ЛИНИЯСИ БИЛАН МАҲАЛЛИЙ НАВЛАРНИ SSR-МАРКЕРЛАР АСОСИДА МОЛЕКУЛЯР-ГЕНЕТИК ЎРГАНИШ

Бобохужаев Ш.У.[1], Абдукаримов Ш.С.[2], Санамьян М.Ф.[1]

[1]Мирзо Улуғбек номидаги Ўзбекистон Миллий Университети
Ўзбекистон, Тошкент шаҳар Олмазор тумани Университет кўчаси, 4
[2]ЎзР ФА Геномика ва биоинформатика маркази.
Ўзбекистон, Тошкент вилояти, Қибрай тумани, Университет кўчаси, 2
e-mail: bobohujayev@mail.ru

Ғўзада хромосомаси алмаштирилган 17 та линиялар яратиш биринчи марта АҚШда амалга оширилди, кейинчалик уларнинг қимматли-хўжалик белгилари ўрганилди. Хромосомаси алмашган линияларда молекуляр-генетик тадқиқотлар ўтказилган, шунингдек, уларнинг абиотик ва биотик омилларга чидамлигини ўрганилган. Аммо, ғўзанинг *G.hirsutum* турига мансуб анеуплоид линияларининг тўлиқ тўпламининг йўқлиги сабабли, хромосомаси алмаштирилган линияларнинг барча хромосомалар бўйича тўлиқ тўпламини олиш мумкин эмас. Бундан ташқари, бир нечта муаллифлар томонидан CS-B05sh, CS-B06, CS-B07, CS-B15sh хромосомаси алмаштирилган линиялар учун молекуляр-генетик исботнинг мавжуд эмаслиги аниқланди, ушбу хромосомалар учун CS-линияларини яратиш учун янги тадқиқотлар олиб борилиши лозимлигини кўрсатади. Шунинг учун ғўзанинг янги анеуплоид линиялари ва янги хромосомаси-алмаштирилган линияларни олиш долзарб ва зарурдир.

Шу сабабдан Мирзо Улуғбек номидаги Ўзбекистон Миллий Университетининг Ноёб Цитогенетик коллекцияни *G.hirsutum* L. турига мансуб моносомик ва монотелодисомик линиялари *G.barbadense* L. турининг Pima 3-79 линияси билан чатиштириш асосида 2008 йилдан бошлабалоҳида хромосома-алмашган линия яратиш буйича тадқиқотлар бошланган эди. Ҳозирги кунга келиб Цитогенетик коллекцияда 100 га яқин моносомик линия мавжуд ва айрим моносомик линиялар идентификация қилинди. Хусусан, A_t-субгеномни 2 (Mo11,

Mo16, Mo19 ва Mo93 моносомик линиялар), 4 (Mo7, Mo10, Mo31, Mo38, Mo58, Mo59, Mo60, Mo66, Mo69, Mo70, Mo71, Mo72, Mo73, Mo75, Mo76, Mo79, Mo81 ва Mo89 моносомик линиялар), 6(Mo13, Mo34, Mo67, Mo92 ва Mo95 моносомик линиялар), 7(Mo27моносомик линиялар) ва 12 (Mo27 моносомик линиялар) хромосомалар буйича ва D_t-субгеномни буйича 17, 18, 21 ва 22 хромосомалар буйича етишмовчилиги эга бўлган моносомик (Mo56, Mo48, Mo42 ва Mo17, мос равишда) линиялар ҳамда иккита A_t-субгеномни6 ва 11 хромосома буйича бир елкаси етишмовчилиги эга бўлган монотелодисомик линия аниқланди.

Ушбу моносомик линияларни *G.barbadense* L. турига мансуб бўлган мутлоқ гомозигота бўлган Pima 3-79 линияси билан чатиштириш натижасида турлараро F_1 моносомик дурагайлар ва турли беккросс BC_1F_1– BC_5F_1 авлодлари олинган. Фақатгина Mo59 линияси асосида биринчи маротаба Ўзбекистонда турлараро алоҳида хромосомаси-алмашган (CS-B04_Uz) линия яратилди ва бу билан Ўзбекистоннинг ғўза герплазмаси бойитилди.

АҚШ цитогенетик коллекциясига мансуб CS-B04 линиясида қуйидаги фойдали белгилар аниқланган кўсак оғирли, тола узунлиги ва чиқими, микронейр, элонгация ва абиотик омил: иссиқлик ва курғокчиликка чидамли хусусиятлар эга.

Ноёб Цитогенетик коллекциянинг CS-B04_Uz линияда фойдали белги ҳусусиятлари навларга ўтказиш мақсади линия ва Султон, Наманган-77, Бухоро-6, Бухоро-102, С-6524, Келажак, АН-Боёвут-2, Мехнат, Генофонд навлар ўртасида генетик полиморфизм аниқлаш мақсадида куйидаги SSR-маркерлар (TMB0809, Gh117, Gh124, BNL2572, BNL3433, BNL3089, BNL4047) ёрдамида молекуляр-генетик скрининг олиб борилди. Ушбу линия ва навларни чатиштириш ишлари олиб борилади ва MAS технология асосида РИЛ ёки CSSL линиялар яратилади.

НАИБОЛЕЕ ТОЧНЫЕ МУТАЦИИ В ГЕНОМАХ SARS-COV-2 ВЫЯВЛЕННЫЕ У УЗБЕКСКИХ ПАЦИЕНТОВ, ДЕМОНСТРИРУЮТ НОВЫЕ АМИНОКИСЛОТНЫЕ ИЗМЕНЕНИЯ

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

Центр геномики и биоинформатики АН РУз
Узбекистан, Ташкентская область, Кибрайский район, ул. Университетская, 2

Цель: со временем быстрые изменения в геномах коронавируса привели к появлению новых штаммов после того, как первая вариация была обнаружена в Ухане в 2019 году. Генотипы SARS-CoV-2 должны периодически подвергаться полногеномному секвенированию в целях контроля, поскольку это чрезвычайно полезно в борьбе с вирусом. В настоящее время на основе секвенирования генома разработано множество методов диагностики, лечения и вакцинации против вируса. Целью данного исследования было определение изменений в дельта-варианте SARS-CoV-2, который был широко распространен в Узбекистане во время пандемии, посредством секвенирования генома.

Дизайн эксперимента: мы получили 17 высококачественных данных полногеномных последовательностей 48 генотипов SARS-CoV-2, полученных у пациентов с COVID-19, у которых результат ПЦР оказался положительным в городе Ташкенте, Узбекистан.

Методы: Мы использовали секвенирование генома и веб-инструменты биоинформатики для анализа изменений аминокислот в геномах вирусов.

Результаты. В кодирующих областях секвенированных образцов геномов выявлены нуклеотидные полиморфизмы, в том числе несинонимичные (миссенс) и синонимичные мутации. С помощью филогенетического анализа все последовательности всего генома были отнесены к кладу G (или субкладу GK). Всего было выявлено 134 мутации, из них 65 общих и 69 уникальных. В

совокупности нуклеотидные изменения представляли собой одну мутацию сдвига рамки считывания, одну консервативную и разрушительную инсерционную делецию, четыре мутации вышележащей области, четыре мутации нижележащей области, 39 синонимичных мутаций и 84 миссенс-мутации.

Вывод: Всесторонние данные полногеномного секвенирования, представленные в этом исследовании, помогают отслеживать происхождение и источники распространенных вариантов SARS-CoV-2, а также анализировать возникающие вариации в Узбекистане и во всем мире. Здесь подробно описано секвенирование генома SARS-CoV-2 из образцов, собранных в Узбекистане в конце 2021 года, во время пика второй волны пандемии по всей стране. После получения этих последовательностей исследовательские усилия были сосредоточены на разработке ДНК и съедобных вакцин на растительной основе с использованием распространенных в Узбекистане штаммов SARS-CoV-2, которые в настоящее время проходят клинические испытания.

ОЦЕНКА РИСКА ВЕРТИКАЛЬНОГО И ГОРИЗОНТАЛЬНОГО ПЕРЕНОСА ГЕНОВ

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

Центр геномики и биоинформатики АН РУз
Узбекистан, Ташкентская область, Кибрайский район, ул. Университетская, 2
e-mail: venera.k75@gmail.com

Риск вертикального и горизонтального переноса генов в экосистемах является одной из основных причин всех возможных экологических рисков, возникающих при высвобождении ГМО на товарный рынок. В связи с этим, согласно мнению экспертов ESFA проведение оценки данного риска является ключевым моментом при оценке экологических рисков.

Оценка риска вертикального переноса генов от ген-нокаутных сортов хлопчатника Порлок проводятся в соответствии с рекомендациями ESFA. Согласно этим рекомендациям, оценка вертикального переноса генов состоит из двух этапов. На первом этапе проводят анализ вероятности передачи трансгена новому реципиенту. На этом этапе определяют круг возможных реципиентов трансгена в агросреде и природной среде и вероятность миграции трансгена к этим реципиентам. На втором этапе дают оценку вероятности стабильной интрогрессии трансгена в популяцию реципиентов и выявляют связанные с этой интрогрессией изменения характеристик популяции: ее выживаемости, инвазивной возможности, вероятности прессинга на другие организмы.

Хлопчатник – культурное растение, размножаемое семенами и не обладающее способностью к выживанию вне культурных биоценозов в климатических условиях Республики Узбекистан. Хлопчатник характеризуется полной половой несовместимостью с другими культивируемыми видами растений, дикие виды хлопчатника не произрастают в Республике Узбекистан. Дикие сородичи произрастают в странах Центральной и Южной Америки и Индии. На территории Республики Узбекистан к дикорастущим родственным видам культурного хлопчатника относят виды шток-розы (*Alcea* L.), виды рода алтей (*Althea armeniaca* Ten и *Althea officinalis* L.), гибискус (*Hibiscus trionum* L.), виды рода просвирник (*Malva neglecta* Wallr. и *Malva sylvestris* L.) и канатник Теофраста (*Abutilon therophrasti* Medik.). Из этих видов *Hibiscus trionum* L., *Malva neglecta* Wallr., *Malva sylvestris* L. и *Abutilon therophrasti* Medik. являются сорняками. Необходимо отметить, что спонтанная гибридизация между *Gossypium hirsutum* L. и сорными родственными видами в естественных условиях не происходит.

Таким образом, вероятность миграции трансгенов к дикорастущим родственным видам при возделывании в Республике Узбекистан маловероятна. Оценка последствия – незначительное воздействие.

Культурный средневолокнистый хлопчатник относят к перекрестноопыляемым растениям. В связи с этим, возможен перенос трансгена к другим культурным сортам хлопчатник при совместном культивировании посредством перекрестного опыления насекомыми.

Вероятность передачи трансгенов культурным сортам хлопчатника при возделывании сортов Порлок существенная. Оценка последствия - значительное. Для предотвращения переноса пыльцы от сортов хлопчатника Порлок к нетрансгенному посредством насекомых при дальнейшем коммерческом использовании в качестве изолирующего фактора может применяться его возделывание от нетрансгенного на расстоянии не менее 200 м и отсутствие ульев поблизости от полей, на которых возделывается хлопчатник. Эти данные совпадают с имеющимися литературными данными о низкой вероятности вертикального переноса генов от трансгенного хлопчатника.

ОЦЕНКА ВЕРОЯТНОСТИ НЕЦЕЛЕВОГО ВОЗДЕЙСТВИЯ ГЕН-НОКАУТНЫХ СОРТОВ ХЛОПЧАТНИКА

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

Центр геномики и биоинформатики АН РУз
Узбекистан, Ташкентская область, Кибрайский район, ул. Университетская, 2
e-mail: *venera.k75@gmail.com*

С точки зрения выявления и оценки потенциальных последствий риск, связанный с нецелевым воздействием продукта трансгена, является одним из наиболее сложных. Это обусловлено тем, что, с одной стороны, трудно учесть и выявить всех участников пищевой цепочки, которые могут подвергнуться действию трансгена, а с другой – множество факторов биотического и

абиотического свойства, которые практически невозможно воссоздать в лаборатории и даже в условиях ограниченного полевого эксперимента, могут повлиять на вероятность, интенсивность и специфику проявления токсического эффекта. При проявлении отдаленных эффектов, связанных с участием нескольких посредников между первоначальным действием токсина или конструкций, созданных для RNAi и технологий редактирования генома, и конечной нецелевой мишенью, может пройти несколько лет и генераций организмов, подверженных действию селективного фактора.

Однако несмотря на эти трудности, оценка нецелевого воздействия является одним из основных этапов оценки риска для окружающей среды. При этом для прогнозирования нецелевых эффектов RNAi конструкций рекомендуется использование биоинформатических подходов. Это делается для выявления гомологий РНК, которая должна экспрессироваться, с внутренними генами на основе геномных данных, доступных для хозяина. В связи с этим, такие инструменты рекомендуются для использования, чтобы избежать нежелательных нецелевых эффектов.

Основываясь на этих данных, мы провели оценку вероятности нецелевых эффектов siRNA, возникающих в ходе РНК-интерференции из конструкции pHellsgate-8::PHYA1. Для этого направляющая и пассажирская цепи наиболее эффективных предсказанных siРНК, представленных в предыдущем разделе данной главы, были сопоставлены с аннотированными геномами человека (*Homo sapiens*), медоносной пчелы (*Apis mellifera*), божьей коровки (*C. septempunctata*), хлопковой совки (*Helicoverpa armigera*) и хлопковой тли (*Aphis gossypii*) с использованием нуклеотидного алгоритма BLAST для несколько похожих последовательностей (blastn). При этом для оценки достоверности гомологии исследуемых последовательностей был выбран E-value тест.

Полученные результаты показали, что геном ни одного из нецелевых организмов не дает достаточной гомологии ни с направляющей, ни с пассажирской цепью siRNA. Так, для транскриптов *Homo sapiens* значение E-теста варьировало в пределах 0,21-0,82 для направляющей цепи и 0,21-0,83 – для пассажирской. Для генома *C. septempunctata* данное значение находилось в диапазоне 0,46-445 для направляющей цепи и 0,46-445 – для пассажирской. У *Apis melifera* значение E-теста составило 0,13-2,0 для направляющей цепи и 0,13-7,9 – для пассажирской. Для генома *Helicoverpa armigera* данное значение находилось в диапазоне 0,52-32 для направляющей цепи и 0,52-126 – для пассажирской. У *Aphis gossypii* значение E-теста составило 0,38-1,5 как для направляющей, так и для пассажирской цепи. Данные значения значительно отличаются от нуля, и, следовательно, свидетельствуют о низкой гомологии как направляющей, так и пассажирской цепи siRNA.

Таким образом, полученные результаты позволяют утверждать, что исследуемая генетическая конструкция pHellsgate-8: PHYA1 не обладает нежелательными эффектами на нецелевые организмы.

БИОСТИМУЛЯТОРЛАРНИ АБИОТИК СТРЕССЛАРГА АЛОҚАДОР НОМЗОД ГЕНЛАР ЭКСПРЕССИЯСИГА ТАЪСИРИНИ АНИҚЛАШ

Нарматов С.Э., Дармонов М.М., Хусенов Н.Н.

Центр геномики и биоинформатики АН РУз
Узбекистан, Ташкентская область, Кибрайский район, ул. Университетская, 2
e-mail: narmatovsardor1993@gmail.com

Айрим абиотик стрессларнинг салбий таъсирини юмшатиш учун агрономик тадбирлар зарур, лекин кўгина вазиятларда булардан фойдаланиш етарли эмас. Олиб борилаётган тадқиқотларда аниқ бир абиотик стрессга чидамлилигини оширишга йўналтилган, осмолитик хамда антиоксидант каби

молекулаларни кодлайдиган, сигнал ёки регулятор генларни ўрганишга қаратиш лозимлиги такитланган.

Ўсимликларда гармонлар синтезини бошқаришда, ҳужайра элонгацияси ва тургорлигида рол ўйновчи ҳамда ҳужайрада оксидланишни келтириб чиқарувчи реактив кислородни парчаланиш жараёнларида сигнал молекулалари сифатида қатнашувчи антиоксидант тизим SOD (супероксид дисмутаза), APX (аскорбат пероксидаза), CAT (каталаза), POD (пероксидаза), GPX (глутатион пероксидаза), GR (глутатион редуктаза) фитогормон метаболизми генлари экспрессияси натижалари турлича бўлганлиги аниқланган. Масалан, Порлоқ-4 ғўза навининг Ризоком-1 биопрепарати ёрдамида ишлов берилган ўсимликларида ҳам генлар экспрессияси турли даражларда кузатилди, ген экспрессиясининг ўзгариши барча генларда назорат вариантига нисбатан юқори бўлганлигини кузатишимиз мумкин бўлди.

Ғўзанинг Равнақ-1 навида Ризоком-1 биопрепарати ёрдамида ишлов берилиши натижасида намуналардаги генлар экспрессияси турли даражларда эканлигини намойён этди. Бунда ген экспрессиясининг ўзгариши юқорида келтирилган барча генларда назорат намуналарига нисбатан юқори кўсаткичга эга бўлди. Шунингдек, ушбу навнинг Микрозим-2 биопрепарати билан ишлов берилган намуналарида ҳам барча номзод генларнинг экспрессияси назорат вариантига нисбатан юқори эканлигини кўрсатди.

Ғўзанинг Порлоқ-4 ва Равнақ-1 навларида турли биостимуляторларни қўллаш натижасида қуйдаги номзод генлар: SOD (супероксид дисмутаза), APX (аскорбат пероксидаза), CAT (каталаза), POD (пероксидаза), GPX (глутатион пероксидаза), GR (глутатион редуктаза) фитогормон метаболизми генлари экспрессияси натижалари NCSS 2023 статистик дастурларининг ANOVA (Analysis of Variance) усулидан фойдаланган ҳолда амалга оширилди.

Олиб борилган тадқиқот натижаларига кўра қўлланилган биопрепаратлар ўсимликларнинг абиотик ва биотик стрессларга чидамлиликни таъминловчи антиоксидант тизим генларига таъсири турлича бўлишлиги кузатилди. Шу тариқа, қўлланилган биостимуляторлар ғўзанинг стрессга чидамлилигига ижобий таъсир кўрсатиб, ғўзанинг абиотик стрессларга чидамлилигини белгиловчи асосий генларнинг экспрессия даражасига таъсир кўрсатади.

МОЛЕКУЛЯР МАРКЕРЛАР ЁРДАМИДА G.*MUSTELINUM* MIERS EX WATT. ҲАМДА *G.ARBOREUM* L. ҒЎЗА ТУРЛАРИ ЎРТАСИДАГИ ФИЛОГЕНЕТИК МУНОСАБАТЛАРНИ АНИҚЛАШ

Гаппаров Б.М., Рафиева Ф.У., Орипова Б.Б., Кушанов Ф.Н.

ЎзР ФА Генетика ва ўсимликлар экспериментал биологияси институти
Ўзбекистон, Тошкент Қибрай тумани Юқори-юз
e-mail: *inst@gen.org.uz*

Ҳозирги кунда Республикамизда пахтачилик соҳасини ривожланиши учун бир қанча ислоҳотлар олиб борилмоқда. Бу ислоҳотлар самарадорлигини оширишда *Gossypium* L. туркуми биохилма-хилликларидан рационал фойдаланиш жуда муҳим бўлиб ҳисобланади. Бундан ташқари қурғоқчиликкка, турли хил касаллик ва зараркунандаларга, хашоротларга чидамли навлар яратишда ҳар бир ғўза турини молекуляр даражада ўрганиш ҳам олдимизда турган долзарб вазифлардан биридир.

Ғўза турларини туричи ва турлараро чатиштиришда дурагай кўсакларнинг ҳамда дурагай кўсаклардаги уруғларнинг тугилиш самарадорлиги, эришилган натижаларнинг ижобий ёки салбий бўлиши чатиштиришда иштирок этган турларнинг филогенетик жиҳатдан узоқ ёки яқинлик хусусиятларига бевосита боғлиқдир.

Ушбу тадқиқотдан кўзланган асосий мақсад, ғўзанинг ёввойи тетраплоид *G.mustelinum* Miers ex Watt тури билан ёввойи диплоид *G.arboreum* L. туричи хилма-хилликларига колхицин моддаси таъсирида олинган амфидиплоид

вакилларида дурагайланиш кўрсаткичлари ва молекуляр маркерлар технологиясидан фойдаланиб улар ўртасидаги ўзаро филогенетик муносабатларга аниқлик киритишга қаратилган.

Изланишлар давомида ғўзанинг ёввойи диплоид G.*arboreum* L. туричи хилма-хилликларидан G.*arboreum* L. ssp. *obtusifolium,* ssp.*obtusifolium* var.*indicum*, ssp.*perenne*, ssp.*neglectum*, ssp.*neglectum* f.*sanguineum*, ssp.*nanking* (новвотранг толали), ssp.*nanking* (оқ толали), A-352 намунаси ҳамда тетраплоид *G.mustelinum* Miers ex Watt вакилларидан фойдаланилди.

Тадқиқотларда ота-она шаклларининг молекуляр филогенетик қариндошлик даражасини аниқлаш учун турли қимматли хўжалик белги-хусусиятларга генетик боғланган 85 та SSR ДНК маркерлар ёрдамида ПЗР скрининг амалга оширилди.

Олинган натижалар Microsoft Excel дастурига киритилди ва NCSS биоинформатик дастуридан фойдаланиб генотиплаш натижасида олинган маълумотлар асосида филогенетик таҳлиллар олиб борилди. Таҳлил натижаларига кўра филогенетик шажара 2 та асосий гуруҳга бўлинди. 1-гуруҳ *G.arboreum* турига мансуб 4 та (*obtusifolium*; *indicum*; *perenne* ҳамда «A-352» маданий шакли) намунани ўз ичига олган бўлса, 2-гуруҳ *G.arboreum* турининг қолган 4 та (*neglectum*; *neglectum f sanguineum*; *nanking* (новвотранг) ва *nanking* (оқ) намуналари ҳамда *G.mustelenum* туридан ташкил топганлиги аниқланди.

Шу тарзда, фойдаланилган генетик маркерлар доирасида яратилган дендрограмма орқали тадқиқот намуналарининг филогенетик муносабатларига аниқлик киритилди. Классик ва молекуляр генетик таҳлил натижалари тетраплоид *G.mustelinum* Miers ex Watt турининг диплоид *G.arboreum L*. туричи хилма-хилликларидан фақатгина *nanking* (оқ ва новвотранг толали) кенжа турига филогенетик жиҳатдан бирмунча яқин эканлигини кўрсатди.

Шундай қилиб, ғўзанинг ёввойи тетраплоид *G.mustelinum* Miers ex Watt тури ва ёввойи диплоид *G.arboreum* L. туричи хилма-хилликларининг филогенетик муносабатини ўрганиш бўйича олинган натижалар *Gossypium* L.

туркуми полиплоид турларининг мавжуд замонавий табиий классификациясини такомиллаштиришда, полиплоид турларининг биологик хусусиятлари ва селекциявий потенциалини баҳолашда ҳамда ғўзанинг маданий турлари ёввойи аждодларининг генетик имкониятларидан рационал ва самарали фойдаланишда муҳим манба бўлиб хизмат қилади.

ПОТЕНЦИАЛ SSR-МАРКЕРОВ ДЛЯ ХАРАКТЕРИСТИКИ СЕЛЕКЦИОННОГО МАТЕРИАЛА ВИКИ ПОСЕВНОЙ И МОХНАТОЙ

Клименко И.А., Антонов А.А.

ФГБНУ «Федеральный научный центр кормопроизводства и агроэкологии имени В.Р. Вильямса» (ФНЦ «ВИК им. В.Р. Вильямса»)
Россия, Московская область, г. Лобня
e-mail: iaklimenko@mail.ru

Вика (*Vicia* L.) – однолетняя бобовая культура, широко используется в качестве белкового компонента в посевах злаковых трав, в виде зеленой массы, зерна, сена и сенажа при кормлении многих видов животных и птицы. Относительно нетребовательна к условиям произрастания и почвам, поэтому возделывается во многих странах. В России производственное значение имеют два вида вики: посевная (*Vicia sativa* L.) и мохнатая (*Vicia villosa* Roth.). Основная задача селекции – создание скороспелых, высокопродуктивных сортов нового поколения, адаптивных к неблагоприятным факторам внешней среды. Эффективность селекционных программ можно значительно повысить с помощью технологий молекулярного маркирования. Цель работы состояла в изучении вариабельности микросателлитных локусов генома российских сортов вики, выделении информативного набора SSR-маркеров и генетически дивергентного материала для внутривидовой гибридизации. Объектом исследований служили 34 сорта и селекционных образца вики посевной и 5 сортов вики мохнатой из коллекций генетических ресурсов ВИР им. Н.И. Вавилова (Санкт-Петербург), ФНЦ «ВИК им. В.Р. Вильямса» (Московская обл.),

ФНЦ зернобобовых и крупяных культур (г. Орел). Выделение ДНК осуществляли из проростков от 30 растений на образец по протоколу модифицированного SDS-метода. ПЦР-анализ провели с использованием 10 пар праймеров, разработанных к cDNA-SSR-маркерам, в соответствии с условиями, предложенными авторами-разработчиками. В результате анализа определены 4 информативных маркера, генерирующих воспроизводимые продукты ПЦР с наличием полиморфизма: VSspS 038, VSspS 066, VSspS 126, VSspS 129. С ними получено 316 ампликонов размером от 201 до 316 пн, из них полиморфных – 33. Большей степенью межсортового генетического разнообразия отличалась вика мохнатая: процент полиморфизма составил 14,3 %. У вики посевной полиморфных продуктов было 30 из 295 (10,2 %). В целом выявлен относительно низкий общий уровень генетического полиморфизма – 10,4 %. Такой результат был ожидаемым, т.к. в основе своей коллекция составлена из образцов вики посевной, которая является самоопылителем. Кроме того, большинство культивируемых сортов создано путем селекции на несколько хозяйственно значимых признаков, что также сужает границы генетического разнообразия. Уникальные по размерам фрагменты ДНК выявлены у сортов Никольская (316 пн) и Непоседа (308 пн) – с маркером VSspS 038, а также у сорта Уголек (222 пн) при амплификации с праймером к маркеру VSspS 066. Указанные сорта, а также Ливенка, Ксения, Луговская 98, Цивилянка и Льговская 22, для которых получены сортоспецифичные ДНК-профили, могут служить перспективным материалом для использования в селекционных схемах. С применением ПО «QSep» и «PopGene» были рассчитаны показатели генетической изменчивости: эффективное число аллелей составило в среднем 1,32, индекс разнообразия по Нею – 0,21, индекс Шеннона – 0,34. PCoA-анализ методом главных координат с помощью программы GenAlex суммарно объяснял всего 30% генетических вариаций, вероятно с этим связано довольно хаотичное пространственное

расположение образцов при кластеризации. В результате исследований установлены эффективные SSR-маркеры для различения ряда российских сортов вики, выявлен перспективный материал для селекционных целей. Однако для масштабной сортовой ДНК-идентификации необходимо существенно расширить набор маркеров для анализа внутривидового полиморфизма.

МОДЕЛ ТУЗ СТРЕССИ ШАРОИТИДА БИОСТИМУЛЯТОРЛАРНИНГ ГЕНЛАРНИ ИФОДАЛАШ ДАРАЖАСИГА ТАЪСИРИ

Нарматов С.Э., Дарамнов М.М., Хусенов Н.Н., Мамажонов А.Б.

ЎзР ФА Геномика ва биоинформатика маркази
Ўзбекистон, Тошкент вилояти, Қибрай тумани, Университет кўчаси, 2
e-mail: narmatovsardor1993@gmail.com

Ғўза муҳим экин сифатида кенг тарқалган бўлиб, табиий тўқимачилик толаси ва пахта ёғи ишлаб чиқаришда фойдаланилади. қурғоқчил зоналарда пахта етиштиришнинг асосий муаммоларидан бири тупроқнинг шўрланиши бўлиб, бу қишлоқ хўжалиги экинларининг ҳосилдорлигини сезиларли даражада пасайтиради. Шунингдек, шўрланган қишлоқ хўжалиги ерлари улушининг ортиши ҳам иқлим ўзгариши, ҳам тупроқнинг чуқур қатламларидан тузларнинг ювилишига олиб келадиган замонавий суғориш усулларидан фойдаланиш билан боғлиқ.

Ғўза навларининг биостимуляторларга бўлган морфологик реаксияларини намунали туз стресс шароитида ўрганиш шуни кўрсатдики, биостимуляторлардан фойдаланиш туз стрессининг ғўзанинг Порлоқ-4 навига салбий таъсирини камайтиради. Шу нуқтаи назардан, модел тузли стресс шароитида уларнинг ген ифодаси даражасига таъсири қўшимча ўрганилди.

Тадқиқотлар давомида олинган натижаларга кўра, Ризаком-1, Микрозим-2 ва Хосил биопрепаратлари ҳам нормал ҳам туз стресси шароитида ўсимлик ҳосилдорлик учун генларни ифодалаш даражасига ижобий таъсир кўрсатади.

SOD (ситозолик супероксид дисмутаз), APX (ситозолик аскорбат пероксидаза), GPX (глутатион пероксидаза), GR (глутатион редуктаза), CAT1 (каталаза изоформаси 1), POD1 (пероксидаза изоформ 1) метаболизми учун генларнинг фаоллигини статистик жиҳатдан сезиларли даражада ошганлиги намаён бўлди.

Олинган натижаларга кўра, Ризоком-1, Микрозим ва Хосил биопрепаратлари ғўзанинг туз стрессига чидамлилигига ижобий таъсир кўрсатади, тола ривожланиши ва ҳосилдорлигини белгиловчи асосий генларнинг экспрессия даражасига ва ғўзанинг абиотик стрессга чидамлилигига таъсир кўрсатишини намоён этди.

ОЦЕНКА СОЛЕУСТОЙЧИВОСТИ И УРОВНЯ ЭКСПРЕССИИ SOS ГЕНОВ У МЕСТНЫХ СОРТОВ ХЛОПЧАТНИКА

Раджапов Ф.С., Салахутдинов И.Б., Камбурова В.С., Усмонов Д.Э., Тожибоева Д.И., Абдукаримов Ш.С., Буриев З.Т.

Центр геномики и биоинформатики АН РУз
Узбекистан, Ташкентская область, Кибрайский район, ул. Университетская, 2
e-mail: *farhod.radjapov@yandex.ru*

Продовольственная и сельскохозяйственная организация ООН (FAO) считает изменение климатических условий одной из наиболее серьезных проблем для фермеров и всего сельскохозяйственного сектора в XXI веке. Засоление почв является серьезной экологической проблемой, что приводит к пагубному абиотическому стрессу, затрагивая 7 % площади суши и 33 % орошаемых земель во всем мире. Засоление полей усугубляет экологическую ситуацию и препятствует сельскохозяйственной деятельности. В частности, засоление почв негативно отражается на выращивании различных видов сельскохозяйственных культур, функционировании ирригационных систем и повышает риск эрозии полей. По состоянию на 1 октября 2020 года 44,7 %

орошаемых земель в Узбекистане отнесены к слабозасоленным, 31,0 % слабозасоленным, 11,9 % умеренно засоленным и 1,9 % сильнозасоленным. Узбекистан теряет 4 триллиона сумов в год из-за проблем с засолением почв. Многолетние научные исследования доказали, что урожайность на слабозасоленных почвах снижается на 15–20 %, на среднезасоленных – на 30–50 %, на сильнозасоленных – на 70–80 % в сравнении с незасоленными почвами.

В связи с этим с целью данной работы является изучение SOS генов, играющих одну из ключевых ролей в устойчивости растений к солевому стрессу и их функций относительно местных сортов хлопчатника для выявления наиболее устойчивых образцов к данному стрессу.

Были оценены 8 сортов хлопчатника местной селекции. Эксперименты по оценки солеустойчивости проводили на растениях *Gossypium hirsutum* L., выращенных в модельных условиях фитотрона, присутствия стресса (100мМ, 200мМ, 300мМ, 400мМ NaCl). Для оценки уровня экспрессии SOS генов у исследуемых сортов были использованы сорта с наиболее выраженными контрастными проявлениями признака как в условиях отсутствия, так и присутствия стресса.

В результате была определена степень устойчивости к солевому стрессу у исследуемых сортов. Наибольшую устойчивость показали сорта Барака, С-4727, Наманган-77 и ТМ-1. Сорта Бухоро-102, Ишонч, Султон и Сурхон-103 показали относительную неустойчивость к солевому стрессу (от слабоустойчивый до неустойчивый). Для определения уровня экспрессии SOS генов при помощи ПЦР в реальном времени были использованы, специфические праймеры и зонды, ранее разработанные нами. По результатам оценки уровня экспрессии SOS генов у исследуемых сортов, было установлено, что наибольшее влияние на проявление признака устойчивости к солевому стрессу оказывают гены SOS2 и

SOS3. В то время как SOS1, хоть и играет основную роль в выведении ионов, однако зависим от остальных генов.

Полученные результаты на основании оценки солеустойчивости сортов и экспрессии SOS генов дали возможность выбрать более перспективные сорта-доноры для создания векторных конструкций, для дальнейшей разработки модифицированных, более устойчивых сортов хлопчатника трансгенными методами.

МЕТОД КОЛИЧЕСТВЕННОГО ВЭЖХ АНАЛИЗА АРТЕМИЗИНИНА В ТКАНЯХ БИОТЕХНОЛОГИЧЕСКИХ СОРТОВ ХЛОПЧАТНИКА С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ СПЕКТРОФОТОМЕТРИЧЕСКОЙ ДЕТЕКЦИИ

Узбеков В.В., Имамходжаева А.С., Рахманов Б.К., Буриев З.Т.

Центр геномики и биоинформатики АН РУз
Узбекистан, Ташкентская область, Кибрайский район, ул. Университетская, 2
e-mail: via74@yandex.ru

В настоящее время неуклонно возрастает доля лекарственных средств, получаемых методами биотехнологии. Особенно это касается дефицитных природных соединений, потребность в которых велика, содержание их в тканях растений-продуцентов относительно мало (менее 1 %), а химический синтез крайне сложен.

Таковым является, например, артемизинин – природный сесквитерпеновый лактон надземной части полыни однолетней *Artemisia annua* L. На его основе созданы и применяются эффективные лекарственные средства для лечения малярии. Известны также противоопухолевая и антигельминтная активности артемизинина.

В Центре геномики и биоинформатики АН РУз ведутся работы по реконструкции метаболических путей биосинтеза артемизинина и родственных ему соединений, а также дизайну соответствующих векторных конструкций и их последующему экспрессированию в модельные сельхозкультуры (хлопчатник,

табак) с целью продуцирования ими указанных веществ. Это первое в Республике исследование по метаболомной инженерии.

Мониторинг содержания артемизинина в тканях генно-инженерных сортов, являясь необходимой процедурой для оценки влияния проводимой биотрансформации на динамику его продуцирования в тканях растения, производится обычно методами хромато-масс-спектрометрии, требующей сложного дорогостоящего оборудования. Вместе с тем известны работы по получению хромофора с максимумом поглощения 260 нм в результате модификации молекулы - раскрытия гетероцикла, содержащего перекисную группировку, под действием щелочи с последующей нейтрализацией продукта уксусной кислотой. Однако артемизинин весьма лабилен и в результате на практике образуется смесь продуктов, что затрудняет его количественное определение. Прямое определение артемизинина методом ВЭЖХ со спектрофотометрической детекцией в традиционной УФ-области (230-300 нм) невозможно из-за отсутствия в его молекуле хромофорных групп, хотя слабая хромофорная хиноидная группа там всё же имеется. Анализ электронных (УФ) спектров указывает на максимум поглощения этого вещества в области 200 нм, что может перекрываться с полосами поглощения растворителей, обычно входящих в состав подвижных фаз для ВЭЖХ – ацетонитрила (190 нм) и метанола (205 нм).

С учетом вышесказанного нами, в качестве доступной альтернативы, путём модифицирования ранее описанной методики, предложен метод ВЭЖХ, основанный на использовании колонки, упакованной октадецилсилильным (С18) сорбентом, применении водно-ацетонитрильной подвижной фазы и спектрофотометрической детекцией элюатов при 205 нм. При помощи данного метода предполагается мониторинг количественного содержания артемизинина в тканях биотехнологических сортов хлопчатника и других культур.

II. ODAM, O‘SIMLIKLAR VA HAYVONLAR GENETIKASI

ОДНОРОДИТЕЛЬСКАЯ ЭЛИМИНАЦИЯ ХРОМОСОМ У МЕЖВИДОВОГО ГИБРИДА ХЛОПЧАТНИКА

Санамьян М.Ф., Рустамов А.Б., Бобохужаев Ш.У.

Национальный университет Узбекистана им. М.Улугбека
Узбекистан, Ташкент, Вузгородок, ул Университетская, 4
e-mail: sanam_marina@rambler.ru

Селективная элиминация хромосом при межвидовой гибридизации часто приводит к формированию гаплоидов одного из родительских видов. Примеры такой элиминации описаны у межвидовых гибридов ячменя, табака, пшеницы и кукурузы. Основными причинами однородительской элиминации являются мультиполярные веретена деления, различные соотношения геномов, пространственное разделение геномов во время интерфазы и метафазы, специфическая инактивация центромер и другие. В результате такого процесса удается получить большое количество двойных гаплоидных растений (DH), которые имеют преимущества в виде высокого уровня гомозиготности, что позволяет в ускоренном режиме проводить различные селекционные исследования.

Известно, что гаплоиды хлопчатника вида *G. hirsutum*L. полностью стерильны, тогда как гаплоиды вида *G. barbadense*L. частично фертильны и дают немногочисленные семена при опылении, причем у последнего существует линия, продуцирующая с высокой частотой гаплоиды разных типов. Ранее нами обсуждались четыре гаплоидных растения хлопчатника, один из которых был получен в M_1 в результате облучения семян быстрыми нейтронами два других гаплоида – после облучения пыльцы в M_1 и M_2 поколениях, соответственно, и четвертый гаплоид - в потомстве первичного моносомика Mo86, полученного в

M_3 после опыления облученной пыльцой. Все они характеризовались различиями по коньюгации хромосом и частотами различных типов спорад.

Новый случай элиминации целого генома впервые был выявлен нами у межвидового гибрида хлопчатника, полученного от скрещивания моносомной линии хлопчатника Mo15, созданной в генотипической среде линии Л-458 вида *G. hirsutum* Цитогенетической коллекции Национального университета Узбекистана, с линией Pima 3-79 вида *G. barbadense* в процессе создания хромосомо-замещенных линий. Это гаплоидное растение (277_2) выделялось компактностью куста, тонкостью стебля, укороченностью междоузлий, трехдольчатостью листьев с одним нектарником, мелкостью цветков и отсутствием завязываемости коробочек. Тогда как исходная моносомная линия Mo15, полученная на основе первичного моносомика, индуцированного в M_1 после опыления облученной пыльцой в дозе 25 Гр, отличалась высоким ростом, большим числом симподиальных ветвей, крупными листьями и большим числом коробочек среднего размера.

Цитогенетический анализ гаплоидного растения F_1(Mo15 xPima 3-79) (277_2) обнаружил полное отсутствие коньюгации хромосом в мета-анафазе мейоза I и присутствие во всех изученных материнских клетках пыльцы неспаренных хромосом в виде 26 унивалентов, которые беспорядочно распределялись между полюсами деления и приводили к образованию микроспор с разным числом хромосом. В результате наблюдалось сниженное число нормальных тетрад (13,33±0,47 %) по сравнению с исходной линией Pima 3-79 (98,67±0,34 %) и увеличенное число тетрад с микроядрами (5,44±0,31 %), а также большое число пентад (18,38±0,47 %), гексад (30,22±0,63 %), гептад (20,85±0,56 %) и других типов полиад с большим числом микроядер, которые возникали вследствие формирования многополюсного веретена деления и, как следствие, несбалансированности по числу хромосом. Хотя число монад (7,61±0,36 %), диад

(2,00±0,19 %)и триад (1,17±0,15 %) было намного меньшим, анализ выполненности пыльцы после окраски ацетокармином выявил неокрашенные стерильные пыльцевые зерна.

Молекулярно-генетический анализ этого растения обнаружил присутствие аллелей вида *G. hirsutum* и отсутствие аллелей вида *G. barbadense*, по всем хромосомам гаплоидного генома, что подтвердило селективную элиминацию целого родительского генома, вследствие асинхронности клеточного цикла или дисфункции центромер.

МОЛЕКУЛЯРНАЯ ЭВОЛЮЦИЯ И ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ ВНУТРИВИДОВЫХ РАЗНОВИДНОСТЕЙ У *G.HIRSUTUM* L

Сафиуллина А.К., Эрназарова Д.К., Кушанов Ф.Н.

Институт генетики и экспериментальной биологии растении АН РУз
Узбекистан, Ташкент, Кибрайский р-н, п-к Юкори-Юз
e-mail: inst@gen.org.uz

Род *Gossypium*, включающий более 50 видов, большинство из которых диплоидны (n=13) состоят из восьми геномных групп (A–G и K), представляет собой значительное разнообразие в мире волокнистых культур. Этот род также охватывает пять аллополиплоидов (n=52), которые возникли в результате межвидовой гибридизации, где вид A-генома действует в качестве материнского родителя, а вид D-генома в качестве отцовского. Изучение филогенетических взаимоотношений внутри *Gossypium* L. широко осуществляется с использованием различных молекулярных методов, что позволяет понять эволюционные процессы внутри этого рода. Например, для изучения происхождения и окультуривания одноклеточных эпидермальных трихом у разных видов хлопчатника использовались 18 генов, связанных с развитием волокон. Эти гены были исследованы в 22 видах хлопчатника, включая

диплоидный вид с А-геномом, 13 диких видов с диплоидным D-геномом и восемь аллотетраплоидных видов. Результаты показали, что 72,22% последовательностей и структур генов остались консервативными, а 27,78% разнообразными. Древовидные топологии показали, что все 13 видов D-генома подраздела Fryxell соответствуют таксономии. *G. raimondii* имел близкое родство с аллотетраплоидами D-субгеномы.

На данные время известны расы *G.hirsutum* L., включая *yucatanense*, *religiosum*, *latifolium*, *morrilli* и *richmondii*, что демонстрирует богатство и разнообразие этого важного рода растений. Наша основная задача заключалась в определении их филогенетического положения в систематике и их взаимосвязь внутри видовых разнообразий. Для этого использовали подвиды и разновидностей вида *G.hirsutum* L. Для проведения молекулярных анализов использовали 11 наборов маркеров (NAU, BNL, TMB, CGR, CIR, DPL, GH, JESPR, HAU, MUSS, MGHES) из 177 пар праймеров SSR. Из общего числа 177 пар молекулярных маркеров SSR, полиморфизм был обнаружен у 70 пар, а оставшиеся 107 пара были мономорфными. Для определения филогенетической связи между изучаемыми генотипами и систематическим состоянием популяционного разнообразия использовали программу GelAnalyzer 19.1 и определяли молекулярную массу ПЦР-ампликонов в сравнении с маркером молекулярной массы стандартного размера. Для построения филогенетического дерева использовали биоинформационное программное обеспечение NCSS 12.

На филогенетическом дереве объекты исследования были разделены на два отдельных кластера. Культивируемые сорта *G.hirsutum* L. Омад и Бахт, показавшие высокий полиморфизм в отношении первого кластера, находятся в одной группе и относительно близки к форме var.*latifolium*. Эти формы указывают на то, что они филогенетически далек от других подвидов и разновидностей.

Второй большой кластер в свою очередь разделился на два подкластера. В первом подкластере находятся формы var.*yucatanense* и var.*religiosum* вида *G.hirsutum* L. Вместе с этими формами находится также форма var.*richmondii.* Наличие форм var.*yucatanense*, var.*religiosum* и var.*richmondii* вида *G.hirsutum* L. в одном небольшом кластере указывает на их относительную близость. В следующем подкластере собраны рудеральный подвид subsp.*punctatum* и культивируемый тропический подвид subsp.*paniculatum*, поскольку они филогенетически близки. Дикие формы subsp.*mexicanum* и var.*morilli*, образуют ещё один подкластер.

Таким образом, большое количество параллельных ветвей в филогенетическом анализе свидетельствует о широком потенциальном резерве вида *G.hirsutum* L. Но мы считаем, что необходимо расширить сферу молекулярных исследований, чтобы разумно использовать разнообразие в практическом селекции.

БУҒДОЙ НАВЛАРИНИНГ ГЕНЕТИК ХИЛМА-ХИЛЛИК ДАРАЖАСИ ҲАМДА ФИЛОГЕНЕТИК МУНОСАБАТЛАРИ

Норбеков Ж.К.[1], Хусенов Н.Н.[1], Макамов А.Х.[1], Бойқобилов У.А.[1], Нормаматов И.С.[1], Мухаммадалиев Р.И.[1], Кушанов Ф.Н.[2]

[1]ЎзР ФА Геномика ва биоинформатика маркази
Ўзбекистон, Тошкент вилояти, Қибрай тумани, Университет кўчаси, 2
[2]ЎзР ФА Генетика ва ўсимликлар экспериментал биологияси институти
Ўзбекистон, Тошкент вилояти Қибрай тумани, Юқори юз
e-mail: *jurabeknorbekov1@gmail.com*

Филогенетик дарахт (шунингдек, филогения ёки эволюция дарахти) - бу турли биологик турлар ёки бошқа мавжудотлар ўртасидаги эволюцион муносабатларни уларнинг морфологик ёки генетик хусусиятларидаги ўхшашлик ва фарқларга асосланган ҳолда кўрсатадиган шохланган диаграмма ёки дарахти

ҳисобланади. Филогенетик дарахт шохлари қандай жойлашганлиги ўрганилаётган турларнинг умумий аждоддан қандай келиб чиққанлигини ифодалайди. Ҳар бир шох нуқтаси (ички тугун деб ҳам аталади) дивергенция ҳодисаси ёки битта аждоднинг икки ёки ундан ортиқ турларга ажралишини кўрсатади. Ҳар бир шохланиш нуқтасида ушбу шохлар учида жойлашган барча турларнинг энг сўнгги умумий аждоди ҳисобланади.

Анъанавий услубга кўра, бундай муносабатлар организмлар ўртасидаги морфологик ўхшашликлардан келиб чиққан ҳолда шакллантирилар эди. Кейинчалик, молекуляр биологиянинг пайдо бўлиши билан ДНК ва оқсиллар кетма-кетлигини таҳлил қилиш, эволюцион муносабатларни аниқлаш орқали анча қулайликка эришилди. Ушбу ДНК ва оқсиллар кетма-кетлигини таҳлил қилишнинг муҳим хусусияти шундан иборатки, авлодлар алмашинуви давомида кўплаб мутацияларга учраши натижасида уларнинг кетма-кетлиги аста-секин ўзгариб боради.

Ўсимликларни тавсифлашда филогенетик дарахт тузиш усули бирмунча содда бўлиб, кодланадиган ҳудуднинг кетма-кетлиги турли намуналарда солиштирилади. Олинган кетма-кетлик маълумотлари кейинчалик масофага асосланган ён ҳудудларни қўшиш усули ёрдамида филогенетик дарахт тузилади. Бундай дарахтда ўхшаш ёки тахминий жиҳатдан боғлиқ намуналар бирлаштирилади. Ҳар бир тур ичида ҳам, турлар орасида ҳам сезиларли генетик ўзгаришлар мавжуд. Бироқ, турлар орасидаги генетик масофа, одатда турлар ичидагига нисбатан каттароқдир. Шу боисдан ҳам, филогенетик дарахт бир-бирига яқин бўлган индивидлар кластерлари билан тавсифланади ва ҳар бир кластер алоҳида турни ифодалайди деб тахмин қилинади.

Ушбу тадқиқотда маҳаллий буғдой навларининг ўзаро генетик полиморфизми маълумотлари асосида уларнинг генетик қариндошлик даражаси (филогенетик дарахти) тузилди. Бунда, Давлат реестрига киритилган маҳаллий 32 та буғдой намуналари танлаб олиниб, полиморфизми юқори бўлган 66 та микросателлит маркерлар ёрдамида ПЗР (полемераза занжир реакцияси) таҳлили олиб борилди. ПЗР натижалари махсус дастурлар ёрдамида генотипланди ва навларнинг филогенетик дарахтдаги жойлашув ўрни аниқланди. Бунда, ушбу намуналарнинг уч хил кўринишдаги яъни, полиморфизмга эга жами 66 та, ишончлилик коэффициенти юқори бўлган 22 та микросателлит маркерлар билан уларнинг филогенетик дарахти тузилган. Ушбу 66 та маркер ёрдамида тузилган филогенетик дарахт назорат сифатида қабул қилиниб, кейинги филогенетик муносабатлар ўрганиб борилди. Бунда, ҳар бир филогенетик дарахтнинг қурилишида маркерлар сони биттага қисқартириб борилди.

Таҳлил натижаларига кўра, намуналарнинг филогенетик дарахтини ишончлилик даражаси юқори бўлган 22 та SSR-маркерлар билан тузилганда ҳам 66 та SSR-маркерлар орқали тузилган филогенетик дарахтга нисбатан таққослаганда, икки асосий гуруҳларда ўзгаришлар кузатилмади. Бунда ҳам субгуруҳларда 16 тадан навлар жойлашган бўлиб, уларнинг жойлашув ўрнида қисман фарқлиликлар кузатилди. Ушбу филогенетик дарахт 66 та микросателлит марекерлар ёрдамида тузилган филогенетик дарахтга нисбатан кескин ўзгаришлар бўлганлиги аниқланмади. Келгусида янги навлар ўртасидаги фарқлиликни аниқлашда ушбу кам сонли SSR-маркерлар ёрдамида амалга ошириш зарур бўлади. Бу эса,навларни идентификация қилишда 66 та маркерга нисбатан иқтисодий тежамкорликка эришишни таъминлайди.

ПОЛУЧЕНИЕ НОВОЙ ХРОМОСОМО-ЗАМЕЩЕННОЙ ЛИНИИ ПО ХРОМОСОМЕ 4 A_T –СУБЕНОМА ХЛОПЧАТНИКА (CS-B04-UZ) ПОЛУЧЕННОЙ НА ОСНОВЕ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ МОНОСОМНОЙ ЛИНИИ И МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИХ АНАЛИЗОВ

Бобохужаев Ш.У.[1], Санамьян М.Ф.[1], Абдукаримов Ш.С.[2]

[1]Национальный университет Узбекистана им. М. Улугбека
Узбекистан, г. Ташкент, Алмазарский район, ул. Университетская, 4
[2]Центр Генетики и Биоинформатики АН РУз
Узбекистан, Ташкентская область, Кибрайския район. Ул. Университетская, 2
e-mail: bobohujayev@mail.ru

Как известно, генетическое разнообразие является основой для улучшения различных сельскохозяйственных культур. Увеличению генетического разнообразия способствует расширение первичного генофонда зародышевой плазмы. Однако существует несколько биологических и технических проблем, которые обусловлены несовместимостью между видами в течение интрогрессии на уровне всего генома. Создание замещенных линий у растений позволяет осуществлять направленную интрогрессию специфических хромосом или сегментов хромосом.

Развитие новых хромосом-замещенных линий хлопчатника на базе цитогенетической коллекции НУУз путем скрещиваний идентифицирован-ных моносомных линий, полученных на основе вида *G.hirsutum* L. с линией Pima 3-79 (USA) вида *G.barbadense* L., а также пятикратного беккроссирования с рекуррентными родителями и самоопыления дисомного потомства позволяет осуществить направленную интрогрессию отдельных участков генома (в виде отдельных специфических пар хромосом) вида *G.barbadense* в геном хлопчатника *G.hirsutum*.

Для облегчения обнаружения моносомных цитотипов, ускорения получения беккроссных коробочек и подтверждения замещения специфических хромосом в беккроссной семье ($BC_5F_1Mo59xBC_4F_1(1032_9)$) ($41_n$) проводили

молекулярно-генетический анализ гибридных растений на стадии проростков (4-5 настоящих листьев) до пересадки проростков в грунт теплицы. Для этого использовали ранее приписанные к хромосомам молекулярно-генетические (SSR) маркеры, а также проводили цитогенетический анализ с целью выявления моносомных форм согласно схеме.

В результате в беккроссной семье (41_n) с предполагаемым замещением хромосомы 4 в варианте ($BC_5F_1Mo59xBC_4F_1(1032_9)$) было обнаружено шесть беккроссных растений (41_1, 41_2, 41_3, 41_6, 41_8, 41_{10}), которые характеризовались присутствием полиморфных аллелей только от вида *G.barbadense*, тогда как аллели линии Л-458 вида *G.hirsutum* отсутствовали, что указало на локализацию хромосом-специфичных SSR-маркеров BNL2572, TMB0809, Gh107, Gh117, а также выявило их моносомный цитотип, тогда как остальные четыре беккроссных растений имели дисомный кариотип. Поскольку ранее перечисленные маркеры были локализованы на хромосоме 4 A_t–субгенома хлопчатника, можно считать, что вышеназванные гибридные растения имеют замещение по этой хромосоме. Для получения хромосомно-замещенной линии беккроссный моносомик (41_8) подвергался самоопылению.

В результате проведения молекулярно-генетического анализа одной самоопыленной семьи - S_1(328n), полученной от самоопыления беккроссного моносомика (41_8) с замещением хромосомы 4 A_t-субгенома в варианте (BC_5F_1Mo59) (41_8) обнаружено присутствие полиморфных аллелей только от вида *G.barbadense*, тогда как аллели вида *G.hirsutum* линии Л-458 отсутствовали, основываясь на локализации двух хромосомо-специфичных SSR маркеров – BNL4047, Gh124. В результате цитогенетического анализа этой семьи было выделено два дисомных растения S_1 ((BC_5F_1Mo59 (41_8)) (328_2 и 328_5)), которые повторно самоопылялись для получения поколения S_2(477n, 478n и 479n).

Полученное самоопыленное потомство S_2(477n, 478n и 479n) послужило родоначальником новой хромосомо-замещенной линии (CS-B04_Uz) с замещением хромосомы 4 A_t-субгенома узбекской цитогенетической коллекции хлопчатника. В настоящее время растения этой линии произрастают в условиях теплицы для изучения хозяйственно-ценных признаков и размножения семян.

G.HIRSUTUM L. TURINING TURICHI DURAGAYLARIDA QIMMATLI XO‘JALIK BELGILARI BO‘YICHA QARINDOSHLIK DEPRESSIYASI

Azimov A.A., Shavqiyev J.SH.

O‘zR FA Genetika va o‘simliklar eksperimental biologiyasi instituti
O‘zbekiston, Toshkent viloyati, Qibray tumani, Yuqori-Yuz
e-mail: *jaloliddin.1992@mail.ru*

Seleksiya va urug‘chilikning ilmiy tamoyillaridan foydalangan holda genetik duragaylashdan foydalanish tufayli bir qator navlar yaratildi. Seleksiya va urug‘chilik ishlarini olib borish navlarni doimiy ravishda yangilab borish zarurati dolzarb bo‘lib qolmoqda.. Bunga sabab, o‘simlikning omon qolish va reproduktiv muvaffaqiyatning pasayishi kuzatiladi. Bunga asosan yangi navlarni yaratish zarurdir chunki nav o‘zgarishi va nav yangilanishining mavjudligi muayyan navning ijobiy xususiyatlarini saqlab qolish uchun doimiy ravishda barqarorlashtirish ishlarini talab qiladi. Buning uchun g‘o‘za genomda qarindoshlik depressiyasini kamaytirishimiz zarur.

Tadqiqot ob’ekti sifatida g‘o‘zaning *G. hirsutum* L. turiga mansub, irsiy jihatdan kelib chiqishi turlicha bo‘lgan 4 ta nav va uning duragaylari foydalanildi.

Tajriba dala sharoitida g‘o‘za navlarining F_2 kombinatsiyalarining o‘simlikdagi maxsuldorlik belgisining ko‘rsatkichlari bo‘yicha eng yuqori Ishonch x Toshkent-6 va Ishonch x C-6524 (mos ravishda 112,83±1,4 g va 111,76±1,04 g) bo‘ldi. Navbahor-2 x Toshkent-6 va C-6524 x Navbahor-2 kombinatsiyalarida (mos ravishda 70,04±1,83 va 76,93±1,54 g) eng past ko‘rsatkichda aniqlandi. Navbahor-2 x Ishonch va Toshkent-6

x C-6524 kombinatsiyalarida eng yuqori irsiylanishi darajasi (mos ravishda 71% va 70%) qayd etildi(3.4 jadval). F_2 duragaylardagi o‘zgaruvchanlik ko‘rsatkichi 13,0 dan 19,2 % gacha o‘zgarishi aniqlandi. O‘simlikdagi o‘simlikdagi maxsuldorlik belgisining F_{1-2} duragaylarida qarindoshlik depressiyasi ko‘rsatkichlari Ishonch x C-6524 kombinatsiyasida kuchli salbiy (ID=-12,70), Navbahor-2 x Toshkent-6 va Ishonch x Navbahor-2 kombinatsiyasida kuchli ijobiy (mos ravishda ID=13,18 va ID=11,06) depressiya qayd etildi. O‘simlikdagi o‘simlikdagi maxsuldorlik belgisi bo‘yicha Ishonch x Navbahor-2, Navbahor-2 x Toshkent-6 va Navbahor-2 x C-6524 kombinatsiyalari boshqa barcha duragaylarga nisbatan qarindoshlik depressiyasi ko‘rsatkichlari ijobiy bo‘ldi. G‘o‘za navlarining F_2 kombinatsiyalari o‘simlikdagi maxsuldorligi, bu belgisining irsiylanishi va o‘zgaruvchanligi hamda duragaylarida qarindoshlik depressiyasi ko‘rsatkichlari Ishonch x Navbahor-2 va Navbahor-2 x Toshkent-6 kombinatsiyalarida ijobiy ekanligi aniqlandi. O‘simlikdagi maxsuldorligi belgisi bo‘yicha Ishonch, Navbahor-2 va Toshkent-6 navlari ijobiy donor ekanligi qayd etildi. G‘o‘za navlarining F_2 kombinatsiyalarining o‘simlikdagi ko‘sak soni belgisining o‘rtacha ko‘rsatkichlari bo‘yicha eng yuqori Navbahor-2 x Ishonch (19,14±0,84 dona), Navbahor-2 x Ishonch (19,14±0,84 dona) va C-6524 x Ishonch (18,3±0,81 dona) duragaylarida bo‘ldi. G‘o‘za navlarining F_2 kombinatsiyalarining o‘simlikdagi ko‘sak soni belgisi eng past va eng yuqori irsiylanishi darajasi C-6524 x Toshkent-6 va C-6524 x Ishonch kombinatsiyalarida (mos ravishda 54 % va 74%) bo‘ldi. G‘o‘za navlarining F_2 duragaylardagi o‘zgaruvchanlik ko‘rsatkichi 11,21 % dan 15,98 % gacha aniqlandi. O‘simlikdagi ko‘sak soni belgisining F_{1-2} duragaylarida qarindoshlik depressiyasi ko‘rsatkichlari Ishonch x C-6524 va Navbahor-2 x Ishonch kombinatsiyalarida kuchli salbiy (mos ravishda ID=-27,35 va ID=-32,00), Toshkent-6 x Ishonch kombinatsiyasida esa kuchli ijobiy (ID=18,49) qayd etildi. G‘o‘za navlarining F_2 kombinatsiyalari o‘simlikdagi ko‘sak soni belgisi, bu belgisining irsiylanishi va o‘zgaruvchanligi hamda duragaylarida qarindoshlik depressiyasi ko‘rsatkichlari

bo‘yicha Ishonch x Toshkent-6, Toshkent-6 x Ishonch, Toshkent-6 x Navbahor-2 va C-6524 x Navbahor-2 kombinatsiyalarida ijobiy ekanligi aniqlandi.

G‘o‘za o‘simligining morfo-xo‘jalik belgilari namoyon etishda irsiylanish, o‘zgaruvchanlik va qarindoshlik depressiyasi ko‘rsatkichlari o‘rganildi. Bunda g‘o‘zaning Ishonch, Toshkent va Navbahor-2 g‘o‘za navlarining duragaylarida morfo-xo‘jalik belgilari yuqori va qarindoshlik depressiyasi ijobiy ekanligi aniqlandi.

ҒЎЗАДА ЭРТАПИШАРЛИК БЕЛГИСИНИНГ ИРСИЙЛАНИШИ

Азимова Л.А., Абдуқодирова Д.Ю., Эрназарова Д.Қ.

ЎзР ФА Генетика ва ўсимликлар экспериментал биологияси институти
Ўзбекистон, Тошкент вилояти, Қибрай тумани, Юқори юз п/б
e-mail: igebr@academy.uz

Gossypium L. туркуми генетик хилма-хиллиги келиб чиқишига кўра тропик ва субтропик минтақаларини қамраб олувчи географик диапазонга эга. Шу боисдан аксарият вакиллар узун кун ўсимлиги бўлиб, республикамиз табиий шароитини кўзда тутган холда бу экин турини етиштириш етарлича муаммолар туғдиради.

Ҳозирги кунда эртапишарлик белгисини анъанавий ҳамда замонавий маркерларга асосланган селекция усуллари ёрдамида ўрганиш борасидаги илмий тадқиқотларни амалга ошириш муҳим масалалар сарасига киради. Бинобарин, ғўза вегетация даврини қисқартиришда генетик-селекцион тадқиқотларда салмоқли натижаларга эришилган. Эртапишарлик атроф муҳит таъсирида, бир қанча генларнинг комбинацион таъсирлари натижасида, шунингдек генларнинг жойлашган ўрни (локуслари) ва ген жойлашган хромосоманинг хусусиятларига ҳам боғлиқлиги аниқланган.

Ғўзанинг эртапишарлик бегиси кенг қамровли тушунча бўлиб, у ўсимликнинг индивидуал ўсиш босқичлари, совуқдан олдинги ҳосил кўрсаткичи ҳамда биринчи ҳосил шохи ва унинг жойлашиш баландлиги билан узвий боғлиқ.

Li Ch. бошчилигидаги бир гуруҳ изланувчилар ғўзада *(G.hirsutum* L.) эртапишарлик белгисига жавобгар QTLларни аниқлаш борасида илмий тадқиқотлар олиб боришган. Эртапишарлик белгисини ўрганиш жараёнида 54 та QTL аниқланган. Натижада шоналаш фазасига жавоб берувчи камида тўрттадан QTL, гуллаш фазаси учун, биринчи совуқдан олдинги ҳосил ва биринчи ҳосил шохининг баландлиги учун жавоб берувчи QTL популяцияларда топилган.

Ушбу тадқиқотда, рудерал supsp.*purpurascens* (вегетация даври давомийлиги 130 кун), supsp.*punctatum* var.*gambia* (вегетация даври давомийлиги 201 кун) шакллар ҳамда улар иштирокидаги дурагай комбинация (вегетация даври давомийлиги 125 кун) фойдаланилди. Такидлаб ўтиш жоизки, supsp.*punctatum* var.*gambia* қисқа кунга талабчан ўсимлик бўлиб, кеч кузга бориб ҳосилга кирган. Дурагай комбинацияда ўрганилаётган белги гетерозис ҳолатда ирсийланиб (*hp*=1,14), вегетация даври давомийлиги ижобий ота-она кўрсаткичидан 5 кунга қисқаргани аниқланди. Тадқиқот намуналарининг эртапишарлик хусусиятини молекуляр жиҳатдан ўрганиш мақсадида ота-она шакллари 30 дан ортиқ эртапишарлик хусусияти билан генетик боғланган микросателлит маркерлар ёрдамида текшириб кўрилди. Натижада, маркерлар орасидан еттитаси намуналар ўртасида полиморфизм мавжудлигини тасдиқлади.

Хулоса қилиб шуни айтиш мумкинки, юқорида келтирилган маълумотлардан амалий селекция учун бошланғич манбалар танлаш ҳамда келгусида яратилаётган ғўза навларининг генотипини бойитиш мақсадида фойдаланилади.

ГЕНЛАРНИ ПИРАМИДАЛАШ ТЕХНОЛОГИЯСИ ЁРДАМИДА ОЛИНГАН BC_3F_4 ГЕНОТИПЛАРИНИНГ МОРФОБИОЛОГИК БЕЛГИЛАРИНИ ТУЗ СТРЕССИ МУҲИТИДА БАҲОЛАШ

Бойқобилов У.А., Норбеков Ж.К., Хусенов Н.Н., Макамов А.Х.,
Нормаматов И.С., Маманазаров Ш.И., Мухаммадалиев Р.И., Рахматова Н.Р.

ЎзР ФА Геномика ва биоинформатика маркази
Ўзбекистон, Тошкент вилояти, Қибрай тумани, Университет кўчаси, 2
e-mail: umidjanboyqobilov248@gmail.com

Бугунги кунда пахтачилик саноати учун зарур бўлган тола ҳосилининг камайишига қурғоқчилик, юқори ҳарорат, шўрланиш, зараркунанда ҳашарот ва вилт касалликлари каби бир қатор экологик омиллар сабаб бўлмоқда. Тупроқнинг шўрланиши нафақат Ўзбекистонда балки бутун дунё пахта етиштирадиган давлатларда ҳам катта муаммолардан биридир. Ҳозирги кунда Ўзбекистоннинг ғўза экиладиган майдонларни 45% шўрланган бўлиб, бундай шароитда ғўзадан юқори ҳосил олиш генетик ва селекционер олимлар олдида турган асосий мақсадлардан биридир. Шу боис, замонавий фан ютуқларидан бири бўлган генларни пирамидалаш (*Gene pyramiding*) технологияси қўллаган ҳолда шўрланишга чидамли, ҳосилдорлиги ҳамда тола сифати юқори бўлган янги ғўза тизмаларини яратиш долзарб ҳисобланади.

Генларни пирамидалаш технологияси орқали исталган нав геномида бир вақтнинг ўзида бир нечта қимматли генларни жамлаш ва янги, ҳар томонлама мақбул навлар яратиш стратегияси кўзда тутилади. Бунинг натижасида навнинг мослашувчанлик хусусиятлари, барқарорлиги ҳамда чидамлиликларини белгилайдиган генетик хилма-хиллиги янада кенгаяди.

Маркерларга асосланган селекция МАС лабораторисида генларни пирамидалаш технологияси асосида олиб борилаётган тадқиқотда ғўзанинг L-141, Saenr-Pena-85 (донор) линиялари, Андижон-35 (реципиент), Ан-Боёвут-2 ва Султон (назорат) навлари, шунингдек BC_3F_4 [(F_1Андижон-35 × L-141) ×

(F_1Андижон-35 × Saenr-Pena-85) × Андижон-35] авлод дурагай комбинацияларидан фойдаланилди.

Генларни пирамидалаш технологияси асосида олинган BC_3F_4 [(F_1Андижон-35 × L-141) × (F_1Андижон-35 × Saenr-Pena-85) × Андижон-35] комбинациясининг 35 та оила намуналари, ота-она намуналари ва навзорат навларда шўрланиш стрессига чидамли оилаларни танлаб олиш мақсадида лаборатория шароитида оптимал ва 200 мМ NaCl тузли эритмаси билан суғорилган муҳитда тажриба ўтказилди. Бунда, ўсимликларнинг шўрхокликка чидамлилигини баҳолашда муҳим бўлган морфологик (ўсимлик бўйи, новда ва илдиз узунлиги) белгилар таҳлил қилинди.

Олиб борилган таҳлил натижаларига кўра, туз стресси ғўза ўсимлигига нафақат генотипига шунингдек фенотипик (Умумий ўсимлик баландлиги, оғирлиги, илдиз узунлиги ва оғирлиги) белгиларига салбий таъсири кўрсатилиши аниқланди. Мазкур тадқиқот натижаларидан шуни кўрсатдики, шўрланган тупроқ тасири остида; маҳаллий Султон ғўза нави, L-141 ва Saenr-Pena-85 тизмалари ҳамда BC_3F_4 [(F_1Андижон-35 × L-141) × (F_1Андижон-35 × Saenr-Pena-85) × Андижон-35] авлод дурагай комбинацияларининг морфобиологик белилари сезиларли даражада қисқаргани аниқланди. Шунингдек, тажрибада BC_3F_4 авлод бэккросс намуналари шўрланиш стрессига чидамлилик белгисига жавоб берувчи CIR-246 ДНК маркери билан ПЗР усулида текширилганда, барча ўсимликлар ушбу маркер бўйича гомозигота ҳолатидаги QTL аллелини тутганлиги қайд этилди.

Бундан ташқари, тадқиқотда фойдаланиш учун дунё адабиётлари асосида шўрланишга чидамлилик белгиларига генетик бириккан ДНК маркерлари панели яратилиб, улар асосида ПЗР таҳлили амалга оширилди. Шу билан бирга, BC_3F_4 авлод бэккросс намуналари шўрланиш стрессига чидамлилик белгисига жавоб берувчи CIR246 ДНК маркери билан ПЗР усулида текширилганда, барча

ўсимликлар ушбу маркер бўйича гомозигота ҳолатидаги QTL аллелини тутганлиги аниқланди. Ушбу ўсимликлар белгиланиб махсус ёрлиқлар билан белгилаб олинди.

Бир нечта қимматли хўжалик белгиларни бир ўсимликка жамлашда ДНК маркерларига асосланган генларни пирамидалаш усули анъанавий селекция усулига нисбатан самарали усул эканлиги ушбу тадқиотда ўз тасдиғини топди.

G.HIRSUTUM L. x (*G.ARBOREUM* L. x *G.HERBACEUM* L.) TURLARARO O‘ZARO CHATISHISHI VA F_0 DURAGAY KO‘SAKLARIDA URUG‘ TUGILISHI

Mo‘minov H.A., Normurodov Sh.Sh., Bahadirov J.J.

Chirchiq davlat pedagogika universiteti
O‘zbekiston, Toshkent viloyati, Chirchiq, Amir Temur shoh ko‘chasi, 104
e-mail: mxa8215@mail.ru

G‘o‘za seleksiyasida turlararo duragaylash katta ahamiyatga ega, chunki madaniy g‘o‘zaning genofondini boshqa turlar hisobiga boyitishga imkon beradi. Ko‘pchilik turlar kasalliklarga, zararkunandalarga, qurg‘oqchilikka, past temperatura va boshqa stresslarga chidamlilik xossasiga ega bo‘ladi. Keyingi vaqtlargacha amaliy seleksiyada bu usuldan kam foydalanishga sabab, uzoq duragaylar qiyin chatishgan, birinchi bo‘g‘in duragaylar qisman yoki butunlay naslsiz bo‘lgan va avlodlarda kuchli ajralish ro‘y berib, boshlang‘ich turlar paydo bo‘lishiga olib kelgan. Har xil genomga mansub duragaylarning qiyin chatishishiga sabab, belgilarning genlar tomonidan tartiblanishi buziligi, tenglashmagan genetik sistema hosil bo‘lishi, xromosomalar gomologiyasining yo‘qligi, sitoplazmaning ota forma genlari kompleksiga to‘g‘ri (mos) kelmasligidir. Bularning hammasi duragaylar murtagining turli bosqichlarda nobud bo‘lib ketishiga olib keladi.

Duragaylashda foydali belgilarning boshqa tur vakillariga o‘tkazish, uni irsiylanishi orqali g‘o‘zaning yangi navlarini yaratish genetika va seleksiya usullarining

asosi hisoblanadi. Duragaylashda seleksionerning maqsadi va oldiga qo‘ygan vazifasiga, chatishtirishda ishtirok etadigan ota-onalik shakllarni yaqinlik darajasiga qarab har xil usuldagi chatishtirish qo‘llanadi.

Biz izlanishlarimizda murakkab pog‘onalidan foydalanib g‘o‘zaning *G.hirsutum* L. x (*G.arboreum* L. x *G.herbaceum* L.), *G.hirsutum* L. x (*G.arboreum* L. x *G.arboreum* L.) navlari va duragaylari o‘rtasida turlararo chatishishi hamda F_0 duragay ko‘saklarida urug‘ tugilishi bo‘yicha tadqiqot ishlari olib bordik. Tadqiqot natijalariga ko‘ra, ushbu murakkab turlararo F_0 duragaylarda tugilgan ko‘saklar 3,4-66,6 % ni hamda ulardagi to‘liq urug‘lar tugilishi 5,0-25,0 % ni tashkil etdi. *G.hirsutum* L. x (*G.arboreum* L. x *G.herbaceum* L.) sxemasidagi turlararo duragaylarda tugilgan ko‘saklar 3,5-41,6 % ni namoyon etib, to‘liq urug‘lar tugilishi 0,0-20,0 % ekanligi qayd etildi.

Duragaylarda tugilgan ko‘saklar foizi belgisi bo‘yicha nisbatan yuqori ko‘rsatkichlar (F_1 subsp.*obtusifolium* var.*indicum* x subsp.*pseudoarboreum*) x «AN-Boyovut-2» navi kombinatsiyasida kuzatilib, duragayda tugilgan ko‘saklar -41,6 % ni, tugilgan to‘liq urug‘lar foizi esa 0,0- qiymatni tashkil etdi.

Eng past duragay ko‘saklar tugilishi «Kelajak» navi x (F_1 subsp.*obtusifolium* var.*indicum* x *subsp.pseudoarboreum*) kombinatsiyasida -3,5 % ni tashkil etib, ko‘sakda to‘liq urug‘lar tugilishi -20,0 % ni namoyon etdi. *G.hirsutum* L. x (*G.arboreum* L. x *G.arboreum* L.) sxemasidagi turlararo duragaylarda tugilgan ko‘saklar 3,4-66,6 % ni namoyon etib, to‘liq urug‘lar tugilishi 5,0-25,0 % ekanligi qayd etildi. Duragaylarda tugilgan ko‘saklar foizi belgisi bo‘yicha eng yuqori ko‘rsatkichlar (F_1 subsp.*obtusifolium* var.*indicum* x subsp.*perenne*) x «Genofond-2» navi, (F_1 subsp.*obtusifolium* var.*indicum* x subsp.*neglectum*) x «Kelajak» navi kombinatsiyalarida kuzatilib, 63,6-66,6 % oralig‘ida bo‘lib, ularda tugilgan to‘liq urug‘lar foizi 0,0- qiymatni tashkil etdi. Eng past duragay ko‘saklar tugilishi (F_1

subsp.*perenne* x subsp.*obtusifolium* var.*indicum*) x «Sulton» navi kombinatsiyasida - 3,4 % ni tashkil etib, ko‘sakda to‘liq urug‘lar tugilishi -0,0 % ni namoyon etdi.

Ta’kidlash kerakki, ushbu ikki turdagi sxema o‘rtasidagi ko‘plab chatishtirishlar orqali *G.hirsutum* L. turiga oid nav namunalari ona o‘simlik sifatida ishtirok etganda «Kelajak» navi x (F_1 subsp.*obtusifolium* var.*indicum* x subsp.*pseudoarboreum*), «AN-Boyovut-2» navi x (F_1 subsp.*perenne* x subsp.*obtusifolium* var.*indicum*), «Kelajak» navi x (F_1 subsp.*perenne* x subsp.*obtusifolium* var.*indicum*) kombinatsiyalaridan jami 5 dona tugilgan ko‘sak va 20 dona sifatli to‘liq chigit olishga erishildi. Ushbu ijobiy natijalarga erishilgan kombinatsiyalar orqali kelajakda yangi genotipga ega g‘o‘za navlarini yaratilishiga asos bo‘ladi.

G.HIRSUTUM L. x *G.BARBADENSE* TURLARARO CHATISHTIRIB OLINGAN F_0 VA F_1 DURAGAY AVLODLAR TAHLILI

Muxammadaliyev R.I., Makmov A.X. Ubaydullayeva H.A.

O‘zR FA Genomika va bioinformatika markazi
O‘zbekiston, Toshkent v. Qibray tumani, Universitet ko‘chasi, 2
e-mail: *mravshanbe95@gmail.com*

Dunyoda paxta tolasini ishlab chiqarishni ko‘paytirish va tola sifatini yanada yaxshilash, hasharotlarga hamda qurg‘oqchilikka chidamli navlarni yaratish paxtachilikda asosiy muammolardan biri hisoblanadi. Bu muammoni hal etishda seleksioner olimlar faoliyatining roli kattadir. Seleksioner olimlar tomonidan ko‘p yillik ilmiy izlanishlari natijasida ko‘plab yuqori hosilli, tolasining texnologik sifat ko‘rsatkichlari yuqori, kasalliklarga chidamli, ertapishar navlar yaratilib, Respublik maydonlarida ekish uchun tavsiya etilgan.

Ushbu tadqiqotda o‘rta tolali g‘o‘za bilan ingichka tolali g‘o‘zani o‘zaro duragaylandi. G.*hirsutum* L. turiga mansub tola uzunligi 37,33 mm, tola chiqimi-42,72 % bo‘lgan g‘o‘za liniyasi va ona sifatida G.*barbadense* L. (Pima 3-79) tanlab o‘zaro chatishtirilib, F_0 sifatida ikkita ko‘sakda 12 ta normal chigit olindi. Olingan

duragaylarni hasharotlarga va qurg‘oqchilikka munosabati orqali saralash uchun ularni 2 tadan qilib, 6 ta 10 x12 tuvakka ekildi va 2-chin barg hosil qilganidan so‘ng, ularni hasharotlar bilan zararlangan g‘o‘za ko‘chatlari orasiga joylashtirildi. 4- chin barg hosil qilgan paytda qurg‘oqchilikka munosabati tekshirildi. F_1 avlod hosili tahlil qilinganda, hosil umumiy og‘irligi-84.29 g, tolasi og‘irligi-26.63 g, umumiy chigit og‘irligi-56.47 g, Tola shpatel uzunligi o‘rtacha 44,5 mm, chigitlar hajmi hamda rangi jihatdan yirik yashil va mayda oq kabi 2 turga ajratildi. Yirik yashil chigitlar og‘irlik jihatdan umumiy chigitlarning 90 % ini tashkil qiladi. Ushbu ma’lumotlar ota va ona namunalar tegishli ma’lumotlariga taqqoslanganda oraliq holatda ekanligi aniqlandi. F_1 duragaylar va ota-ona namunalardan DNK ajratib, JESPR-153 SSR markeri yordamida PZR analiz qilindi va natijada F_1 duragaylar gibrid organizm ekanligi isbotlandi. Ushbu tadqiqotda olingan namunalarni keyingi yillarda dala muhitiga ekib, tahlil qilib, zararkunanda hasharotlarga va qurg‘oqchilik muhitiga bardoshli yangi nav olish uchun amaliy ishlar olib borish rejalashtirilmoqda.

G‘O‘ZA GENOTIPLARINI SHO‘RGA CHIDAMLILIGINI BAHOLASH

Mamajonov A.B., Darmanov M.M., Xusenov N.N., Narmatov S.E.

O‘zR FA Genomika va bioinformatika markazi
O‘zbekiston, Toshkent viloyati, Qibray tumani, Universitet ko‘chasi, 2
e-mail: akramjon2327@gmail.com

Tuproq sho‘rlanishi o‘simliklarning mahsuldorligini pasayishiga va hosilning sifatini buzilishiga olib keluvchi abiotik stresslardan biri hisoblanadi. Dunyo miqyosida qariyb 800 million gektar yer oziq - ovqat ekinlari ekiladigan maydon bo‘lib, uning 6 % qismida sho‘rlanish darajasi yuqori sanaladi. Iqlim o‘zgarishi, dengiz sathining ko‘tarilishi va noto‘g‘ri sug‘orish tizimlari tufayli sho‘rlangan hududlar hajmi tobora kengaymoqda. Tuproqning sho‘rlanishi tufayli butun dunyoda ekin maydonlari qisqarib bormoqda. Buning oqibatida don va tolali ekinlarga bo‘lgan talabning ortishiga

sabab bo‘lmoqda. Tuproq sho‘rlanishga qarshi kurashishning eng samarali usullaridan biri, sho‘rga chidamli navlarini yaratish va chidamlilikka aloqador QTL/genlarni aniqlash hisoblanadi. G‘o‘zada sho‘rga chidamli genotiplarini tanlash, ularni seleksion va molekulyar tahlil qilish dolzarb sanaladi.

G‘o‘za genotiplarini genetik jihatdan sho‘rlanishga chidamlilik bo‘yicha yetarli darajada baholash muhim hisoblanadi. O‘simlikning nihollik davridagi ildiz tizimining shakllanishi g‘o‘zaning rivojlanishi va unumdorligini belgilovchi asosiy ko‘rsatkichlardan biridir. Tuproqdagi NaCl ning kontsentratsiyasi ortishi bilan o‘simlik urug‘larining unib chiqishi kechikadi. NaCl ning yuqori konsentratsiyasi urug‘ning unib chiqish foizi, unib chiqish tezligi va o‘rtacha unib chiqish vaqtiga salbiy ta’sir ko‘rsatdi. Sho‘rlanish stressi o‘simliklardagi fotosintezda ishtirok etadigan pigmentlar va uglevodlar miqdorini kamaytiradi va bu g‘o‘za nihollarining o‘sishi hamda rivojlanishiga katta ta’sir ko‘rsatadi.

Ushbu tadqiqotda Genomika va bioinformatika markazining germoplazma kolleksiyasidan 12 ta g‘o‘za genotiplari jumladan: *Ishonch, Ravnaq-1, Ravnaq-2, Zangi Ota, Hapicala 19, Baraka, Guliston, Gen-Bio-4, An-Boyovut-2, L-2022, C-8290* va *C-8296* navlari tanlab olindi. Tadqiqot namunalarini sho‘rga chidamliligi bo‘yicha ummumiy nihol, poya va ildiz og‘irligi, poya va ildiz uzunligi kabi morfo-biologik xususiyatlari baholandi. Tadqiqot 30 kun davomida laboratoriya sharoitida NaCl tuzining 100 mM, 150 mM, 200 mM li konsentratsiyasi bilan sug‘orilib borildi. Tadqiqot natijasida morfo-biologik ko‘rsatkichlari bo‘yicha *Zangi Ota, Hapicala 19, Guliston, An-Boyovut-2* navlari boshqa navlarga nisbatan sho‘rlanish muhitida yaxshi rivojlanish xususiyatlarni nomoyon qildi.

Xulosa o‘rnida shuni aytish mumkinki, ushbu namunalar NaCl tuziga chidamli donor sifatida belgilab olindi. Keyingi tadqiqotlarda, namunalarni NaCl tuzli muhitda chidamlilikka javob beruvchi QTL va nomzod genlarini molekulyar tahlil qilib aniqlash belgilab olindi.

ЎРТА ТОЛАЛИ ҒЎЗА ТИЗМАЛАРИДА ТУРЛИ СУВ РЕЖИМИ ШАРОИТЛАРИДАЎСИМЛИК МАҲСУЛДОРЛИГИ ВА БИТТА КЎСАКДАГИ ПАХТА ВАЗНИ БЕЛГИЛАРИНИНГ НАМОЁН БЎЛИШИ

Набиев С.М., Абдурасулов Ф.Ш., Матниязова Ҳ.Х., Ғаниев У.М.

ЎзР ФА Генетика ва ўсимликлар экспериментал биологияси институти
Ўзбекистон, Тошкент вилояти, Қибрай тумани, Юқори-юз
e-mail: igebr@academy.uz

Республикамиздаги ўткир экологик муаммо - сув танқислиги ва унинг йилдан-йилга кучайиб бораётгани бу стресс омил шароитида ғўза экинининг турли усуллар билан олинган тизмаларининг қимматли-хўжалик кўрсаткичларини ўрганиб, чидамли тизмаларни ажратиб олишни ва селекция ишларида қўллашни талаб қилади. Дала тажрибамизда ўрта толали ғўзанинг келиб чиқиши турлича бўлган тизмалари, яъни Т-23 (108-РФ), Т-24 (АН-516ДВ), Т-25 (*G.hir*. х *G.mustelinum*), Т-26 (Навбахор х (*G.hir*. х *G.harknessii*) х (*G.hir*. х *G.sturtii*)), Т-27 (*G.hir*. х *G.aridum*), Т-28 ((Орзу х Навбахор) х (*G.hir*. х *G.tomentosum*)), Т-29 (*G.hir*. х (*G.harknessii* х *G.raymondii*)), Т-30 (С-9080 х АН-16, Т-31 ((Ишонч х С-9082) х (Навбахор-2 х АН-16) ва Т-32 (Самара (МАС)) сув билан оптимал таъминланганлик (суғориш схемаси 1-2-1) ва сув танқислиги (суғориш схемаси 1-1-0) фонларига экилди. Тажриба даласининг тупроғи типик бўз тупроқ бўлиб, сизот сувлари чуқур (8,0м ва ундан ортиқ) жойлашган. Сув режимидан ташқари, қолган барча агротехник тадбирлар ҳар иккала фон учун бир хил бўлди.Тадқиқотнинг ҳар иккала фонида ўрганилаётган материал рендомизация усули билан учта қайтариқда, ҳар бир қайтариқда икки қатордан, ҳар бир қаторда 25 тадан уяга 90х20х1 схемасида экилди. Олинган рақамли кўрсаткичлар Б.А. Доспехов бўйича статистик қайта ишловдан ўтказилди.

G.hirsutum L. туричи навлараро дурагайлаш йўли билан яратилган АН-516ДВ ва *G. mustelinum* турининг чигитларига радиоактив нурлар билан ишлов бериш йўли билан яратилган 108-РФ ғўза навлари асосида олинган Т-24 ва Т-23 тизмалари турлараро дурагайлашдан олинган тизмалар каби ўсимлик

маҳсулдорлигининг юқори кўрсаткичларига (мос равишда, 79,90г. ва 90,48г.) эга бўлдилар. Энг юқори маҳсулдорлик эса Т-26, Т-31 , Т-27 ва Т-28 тизмалари намоён этиб, уларда ушбу белгининг кўрсаткичлари 93,15 – 101,26 г. оралиғида бўлди.

Сув танқислигида барча туричи ва турлараро тизмаларда ўсимлик маҳсулдорлиги турли даражада камайди.Ушбу стресс фонида нисбатан юқори ўсимлик маҳсулдорлиги турлараро Т-27, Т-28 ва Т-26 тизмаларида бўлиб, белгининг кўрсаткичи мос равишда, 79,90г.; 76,14г. ва 75,60 г. ни, нисбатан паст кўрсаткичлар эса 108-РФ ва АН-516ДВ навларидан олинган тизмаларда бўлиб, мос равишда, 58,88г.ни ва 60,03 г.ни ташкил этди. Мослашувчанлик коэффициенти (Кмос.) га кўра, сув танқислигида айнан шу навлардан олинган тизмалар кўпроқ (мос равишда, Кмос.= -34,9% ва Кмос.= -31,1%) ҳосил йўқотдилар. Қолган туричи ва турлараро тизмаларда ҳосилнинг оптимал сув режимидагига нисбатан йўқотилиши 15,9 – 25,7% ни ташкил этди. Тупроқда сув танқислигига энг кучли чидамлиликни *G.hirsutum* x *G.aridum* комбинациясидан олинган Т-27 тизмаси (Кмос.= -15,9%) намоён этди.

Оптимал сув режимида битта кўсакдаги пахта оғирлиги белгисининг нисбатан юқори кўрсаткичлари Т-29,Т-31 ва Т-23 тизмаларида (мос равишда 5,60 г.; 5,47г. ва 5,42г.), энг паст кўрсаткич эса Т-26 тизмасида (4,97г.) қайд этилди. Сув танқислиги шароити ўрганилган барча ғўза тизмаларида битта кўсакдаги пахта оғирлигининг турли даражада камайишига олиб келди ва белгининг кўрсаткичлари 5,0 г. дан кам, яъни 4,27 – 4,78 г. оралиғида эканлиги аниқланди.

Шундай қилиб, ўрта толали ғўзанинг тадқиқотимизда ўрганилган янги Т-23, Т-24, Т-25, Т-26, Т-27, Т-28, Т-29, Т-30,Т-31 ва Т-32 тизмалари сув танқислигига чидамли чидамли эканликлари аниқланди ва улар келгусидаги ғўзанинг қурғоқчиликка чидамлилик селекциясида бошланғич ашё сифатида фойдаланишга тавсия этилади.

TUR ICHI DURAGAYLARIDA KO‘SAK SHAKLI BELGISINING IRSIYLANISHI

Mo‘minov H.A., Shamuratova M.E., Shaxobiddinova S.P., Sultonova Z.I.

Chirchiq Davlat Pedagogika Universiteti
O‘zbekiston, Toshkent viloyati, Chirchiq, Amir Temur shoh ko‘chasi, 104
e-mail: *mxa8215@mail.ru*

G‘o‘zaning turli eksperimental sharoitlarga bardoshli tezpishar va tola sifati yuqori bo‘lgan serhosil navlarni yaratish uchun boshlang‘ich ashyoning ahamiyati kattadir. Bunda g‘o‘zaning mavjud genofondidan unumli foydalanilgan holda qimmatli va noyob shakllarini izlab topish, ularni seleksiya jarayonlariga jalb etish asosida qimmatli xo‘jalik belgi va xususiyatlarga ega bo‘lgan donor va boshlang‘ich ashyolarni yaratish dolzarb masalarda biri hisoblanadi.

G‘o‘zaning mevasi ko‘sak sifatida rivojlanib, tola hosil qiladi va yetilganda ochiladi. Paxta tolasi juda keng miqyosda va turli maqsadlar uchun ishlatiladi. Umuman paxta ashyosi va o‘simlikning turli qismlari xalq xo‘jaligi uchun qimmatli xom ashyo manbai hisoblanadi.

G‘o‘zada ko‘sak shakli turiga va naviga qarab tuxumsimon, uchi turli darajada cho‘ziq-tuxumsimon, dumaloq-ovalsimon, sharsimon-anjirsimon, konussimon bo‘lishi mumkin. Ko‘sakning kattaligi har xil: yirik no‘xot yoki olchaday (yovvoyi turlarda) bo‘lishdan tortib tovuq tuxumidek (madaniy navlarda) kattalikda bo‘lishi mumkin. Ko‘sak pishmagan vaqtda sirti och, bir oz to‘q yashil, ko‘pincha bir tomonida qizil dog‘i bo‘ladi. Ko‘sakning butun yuzasi pushti, qizil, yaltiroq bo‘lib, qora nuqtali bezchalari bo‘lishi mumkin F.M.Mauer (1954).

Izlanishlar ko‘sak shakli belgisining naslga berilish jihatlariga qaratilgan bo‘lib, unda *G.herbaceum* L. turining ruderal subsp. *pseudoarboreum* va madaniy subsp. *euherbaceum* («A-338») xilma-xilliklarining ko‘sak shakli tuxumsimon ko‘rinishda ekanligi qayd etilgan bo‘lsa, ushbu tur xillarini o‘zaro duragaylash asosida olingan F_1 (subsp. *euherbaceum* («A-338») x subsp. *pseudoarboreum*) kombinatsiyasi o‘simliklarida ko‘sak shakli konussimon ekanligi aniqlandi.

G.herbaceum L. turining turichi F_2 avlod duragay o‘simliklarida ko‘sak shakli belgisi komplementar genlar asosida irsiylanishini, ya’ni komplementar irsiylanishda dominant allel bo‘lmagan genlarning o‘zaro ta’sirini va retsessiv allel bo‘lmagan genlarning gomozigota holatida bo‘lganda yangi belgilarni hosil qilishini namoyon etdi.

Olingan natijalar tahlili shuni ko‘rsatdiki, F_2 (subsp. *euherbaceum* («A-338») x subsp. *pseudoarboreum*) kombinatsiyasida ko‘sak shakli belgisining irsiylanishini 9:6:1 nisbatda uchta fenotipik sinfga kiritish mumkin (X^2 = 0,59, 0,80 > P > 0,50). To‘qqiz qism duragay o‘simliklarda ko‘sak konussimon shaklda, olti qism o‘simliklarda tuxumsimon shaklda va bir qism o‘simliklarda esa ushbu belgi sharsimon-anjirsimon shaklda ekanligi qayd etildi. Bu esa o‘z navbatida komplementar genlar asosida irsiylanib, ya’ni allel bo‘lmagan dominant genlarning o‘zaro ta’siri va allel bo‘lmagan retsessiv genlarning gomozigota holati, yangi belgini yuzaga keltirganidan dalolat beradi. Yuqorida keltirilgan natijalar to‘ldiruvchi genlarning o‘zaro ta’siri yovvoyi formalarga oid belgilarning rivojlanishiga sabab bo‘lib, kelgusida genetika va seleksion tadqiqotlarda foydalanish imkonini beradi.

FUSARIUM WILT OF CHICKPEA

Murodova S.M., Bozorov T.A., Aytenov I.S.

Institute of Genetics and Plants Experimental Biology
Academy of Sciences of the Republic of Uzbekistan
Uzbekistan, Tashkent region, Kibrai district, Yukori yuz
e-mail: murodovasojida1433@gmail.com

Undoubtedly, *F. oxysporum* stands out as the most economically significant species within the *Fusarium genus*. The pathogenic fungus *Fusarium oxysporum* f. sp. *ciceris* (Padwick Matuo & K. Sato) an anamorphic soil-borne species, is specifically linked to *Cicer* spp., with chickpea (*Cicer arietinum L.*), a high-value pulse crop, being the sole cultivated species affected. In 2004, the global production of chickpeas was primarily concentrated in India, accounting for around 70% of the total output. Turkey,

Pakistan, Iran, Mexico, Myanmar, Ethiopia, and Australia were also significant producers. Additionally, notable production regions encompassed South Asia, the Middle East, and Northern Africa, along with Southern Europe, Canada, and the USA. One of the significant constraints on global chickpea production is several diseases, among which *fusarium* wilt, caused by *Fusarium oxysporum* f. sp. *ciceris*, holds particular importance. Managing *fusarium* wilt has mainly involved the development of resistant cultivars as a component of integrated management strategies. However, the substantial pathogenic variability within populations of *F. oxysporum* f. sp. *ciceris* poses challenges for the sustainability of resistant cultivars. Identifying two pathotypes and eight races of the pathogen underscores the crucial role of confidently and efficiently identifying pathogenic races of *F. oxysporum* f. sp. *ciceris* in managing fusarium wilt with resistant cultivars. Macroconidia of *Fusarium oxysporum* develop on pale orange sporodochia arising from monophialides on branched conidiophores on Carnation Leaf-piece Agar (CLA), or occasionally from monophialides on hyphae. Microconidia are abundantly produced in false heads on short monophialides. While there is notable diversity in these characteristics, *Fusarium oxysporum* can be differentiated from *Fusarium solani* by its formation of microconidia on false heads on long monophialides, and from *Fusarium subglutinans* by its production of microconidia on polyphialides and absence of chlamydospores. Vegetative compatibility, a process in which two hyphae fuse to create a stable heterokaryon, has been utilized to genetically differentiate and categorize strains of *F. oxysporum*. However, it's important to note that genetic uniformity is not assured within strains belonging to the same vegetative compatibility group (VCG). This suggests that certain VCGs may encompass both pathogenic and non-pathogenic strains towards a shared host. The subdivision of *F. oxysporum* f. sp. *ciceris* into two pathotypes, wilting and yellowing, based on symptom type was proposed by. Pathotypes are further categorized into pathogenic races, which are determined by variations in virulence. Races are defined by observing the differential disease reactions on chickpea host genotypes. In the case of F. *oxysporum* f. sp. ciceris, eight races with distinct geographic distributions have

been identified. *Fusarium oxysporum* f. sp. ciceris, including races 1A, 2, 3, 4, 5, and 6, exhibits the wilting pathotype. Symptoms include leaf and shoot flaccidity, followed by leaf discoloration and chlorosis, leading to desiccation and death. Discoloration of vascular (xylem) and pith tissues is typically observed, especially near the stem base in cross sections. *Fusarium oxysporum* f. sp. ciceris, encompassing races 0 and 1A/B, displays the yellowing pathotype. Symptoms involve progressive yellowing of foliage from the base upwards, eventual abscission of necrotic leaves, and discoloration of vascular (xylem) and pith tissues. Examination of infected roots is crucial for distinguishing fusarium wilt from other chickpea seedling and root diseases. Symptoms of wilt typically manifest within 25 days of sowing in infected soil, characterized by drooping leaves and a dull green coloration. Affected seedlings may collapse and lie flat on the ground, with uneven shrinkage observed around the stem base when uprooted. Despite appearing healthy externally, the roots exhibit no signs of external rotting. Upon vertical splitting from the collar region downwards, these roots reveal a brown discoloration of the internal tissues. Wilting symptoms can also affect adult plants, persisting until the reproductive and podding stage. Common signs include drooping of petioles, rachis, and leaflets in the upper part of the plant, accompanied by pale green foliage. Typically, within 2 to 3 days, the entire plant becomes affected, with lower leaves also becoming chlorotic. Affected plants, when uprooted before complete drying, display no external root discoloration, but internal discoloration extending towards the stem may be observed. This internal discoloration results from infection of the xylem tissues of the root and stem. Microscopic examination of transverse sections of the infected root reveals the presence of hyphae and spores of the fungus within the xylem, a diagnostic feature of fusarium wilt. In certain chickpea cultivars, typical symptoms may not manifest; instead, there may be yellowing and drying of the lower leaves and stunting of the plant. Internal root discoloration is still evident in these cases.

G.HIRSUTUM L. ТУРИГА МАНСУБ РАНГЛИ ТОЛАЛИ ҒЎЗАНИ ЕТИШТИРИШНИНГ АФЗАЛЛИКЛАРИ

Набиев С.М., Раҳимова Г.Х., Азимов А.А., Waghmare V.N.

ЎзР ФА Генетика ва ўсимликлар экспериментал биологияси институти
Ўзбекистон, Тошкент вилояти, Қибрай тумани, Юқори-юз
e-mail: igebr@academy.uz

Пахтачилик республикамиз қишлоқ хўжалигининг асосий тармоғи ҳисобланади ҳамда ишлаб чиқарилаётган ип-калавалар ва тўқимачилик саноатининг маҳсулотлари хорижга экспорт қилиниб, давлатимизнинг валюта заҳирасини бойитишга хизмат қилмоқда. Бундай экспортга йўналтирилган маҳсулотлар сонини ошириш заҳираларидан бири - маълум майдонларда табиий рангли тола берадиган ғўза навларини етиштиришдир. Бундай ғўза навлари табиий рангли толага эга бўлганликлари туфайли оқ толали ип-калавани ва газламани турли хил кимёвий бўёқлар билан бўяшга кетадиган катта хажмдаги пул маблағларини тежаш ҳамда экологик соф, инсон организми учун мутлақо безарар, антисептиклик хусусиятига эга, ички талабни қондирадиган ва экспортга йўналтирилган маҳсулот бера оладилар.

Сўнгги йилларда дунё пахта бозоридаги истеъмолчиларнинг талаблари ўзгариши сабабли экологик тоза ва органик тўқимачилик маҳсулотларига бўлган эҳтиёж ортмоқда. Ҳозирда Хитой, АҚШ, Австралия, Исроил, Ҳиндистон каби етакчи пахтачилик давлатларида оқ толали навлар билан бир қаторда, маълум майдонларда рангли толали ғўза навлари ҳам етиштирилмоқда.

Шу билан бирга, мавжуд рангли толали ғўзада тола сифатининг пастлиги унинг экин майдонини кенгайтиришга асосий тўсиқ бўлиб қолмоқда. *G. hirsutum* L. турида тўқимачилик саноатининг талабларига жавоб берадиган навларни яратиш учун мавжуд рангли толали намуналар оқ толали шакллар билан чатиштирилиб, тола узунлиги, пишиқлиги ва бошқа белгилари бўйича рангли

толали ота-она шаклларидан устун бўлган дурагайлар олиниши лозимдир. Бундай навларни яратишда анъанавий генетик селекцион усуллар билан бир қаторда, физиологик ва замонавий молекуляр генетик усуллардан ҳам кенг фойдаланишга йўналтирилган фундаментал тадқиқотларни олиб бориш долзарб ва зарурий аҳамият касб этади.

Бизнинг 2023 йилдан бошлаб FZ-2021100758 “*G. hirsutum* L. турига мансуб рангли толали ғўза навларини яратишнинг генетик-селекцион ва физиологик-биокимёвий асослари” мавзусида бажарилаётган фундаментал лойиҳамизда тадқиқот объекти сифатида ЎзР ФА Генетика ва ўсимликлар экспериментал биологияси институтининг ҳамда ЎзР ҚХВ Ғўза селекцияси, уруғчилиги ва етиштириш агротехнологиялари илмий-тадқиқот институтининг ғўза коллекциясидан олинган, толасининг ранги жигарранг ва яшилсимон бўлган А-2384, А-1025, А-800, А-2953, 010108, 09965, 011250, 010105, 02408, 04489, 010764, 04494,010765, 07223, 011022,08492 ва бошқа намуналар, толасининг сифати юқори бўлган оқ толали навлар олиниб, генетик-селекцион, физиологик-биокимёвий ва молекуляр-генетик тадқиқотлар олиб борилмоқда.

Ушбу намуналар ва навларни ўсимликларнинг шоналаш даврида баргдаги хлорофилл концентрацияси “SPAD” ускунасида ўлчанганда 010105 намунасида бу кўрсаткич 47,9 ни, Садаф навида 46,7 ни, 011022 намунасида 46,6 ни,010764 намунасида 45,9 ни, 02408 намунасида 45,7 ни ташкил этган бўлса, А-1025, 010108 ва А-2384 намуналарида эса энг паст (39,6-40,7) натижалар қайд этилди. Лизиметрдаги шўрланган тупроқ шароитида ушбу белгининг энг юқори кўрсаткичлари 010105,04489, А-800 намуналари ва Гулшан навида бўлиб, мос равишда 53,2;49,2;48,0 ва 48,9 ни, энг паст кўрсаткичлар эса А-1025,011250,А-2384 намуналарида қайд этилиб, мос равишда 42,8;43,4 ва 43,7 ни ташкил қилди. Битта кўсакдаги пахта оғирлиги, тола чиқими ва тола узунлиги А-2384 намунасида мос равишда 4-4,5 г., 34-35% ва 26-28мм.ни, А-1025 намунасида мос

равишда 4,1-4,6 г., 27-30% ва 28-30мм.ни, А-800 намунасида мос равишда 4.0-4,7г., 30.5-33% ва 25-27мм ни, А2953 намунасида эса мос равишда 3.8-4,5г.,17-20% ва 28-30мм ни ташкил этди. Ўсимликларнинг ҳосил тўплаш даврида сув билан оптимал таъминланганлик шароитида намуналар баргларидаги транспирация жадаллигининг энг юқори кўрсаткичлари 07223,011022,08492 намуналари ва Гулшан навида (223,14-280,04мг), сув танқислиги фонида эса яшил толали намунада, Гулшан нави ва 011022 намунасида (136,81-174,42мг) қайд этилди. Умуман олганда, сув танқислиги тажрибамизда ўрганилган барча нав ва намуналарда барглардаги транспирация жадаллигининг турли даражада камайишига (12,4% дан то 81,8% гача) олиб келди. Бу белги бўйича нисбатан чидамлилик яшил толали ҳамда А-2384 ва 04489 намуналарида қайд этилди. Олган натижаларимиз рангли толали намуналарнинг қимматли-хўжалик белгиларини бу кўрсаткичлари юқори бўлган маданий навлар билан чатиштириш йўли билан яхшилаш лозимлигини кўрсатади.

GOSSYPIUM HIRSUTUM L. TURIGA MANSUB RECOMBINANT INBRED LINIYALARINING LABORATORIYA SHAROITIDA MORFOBIOLOGIK BELGILARINI TUZ STRESSIGA TA’SIRI

Normamatov I.S., Makamov A.X., Norbekov J.K.,
Boyqobilov U.A., Muxammadaliev R.I.

O‘zR FA Genomika va bioinformatika markazi
O‘zbekiston, Toshkent viloyati, Qibray tumani, Universitet ko‘chasi, 2
e-mail: ilyosnormamatoov@gmail.com

Bugungi kunga kelib, dunyodagi ekin maydonlarning 20 % i turli xil darajada sho‘rlanish stressi ostida. Respublikada sug‘oriladigan yer maydonlari yildan-yilga ortib bormoqda. Tuproq tarkibidagi natriy xlor va natriy sulfat (NaCl va Na_2SO_4) tuzlarining miqdori oshib borishi, tuproq tarkibidagi turli xil mikroorganizmlarni nobud bo‘lishiga olib keladi. Buning natijasida qishloq xo‘jaligi ekinlarining o‘sishi va

rivojlanishiga jiddiy ta’sir ko‘rsatib hosildorligini keskin pasaytirib yubormoqda. Tuproq sho‘rlanishining bir necha sabablari bor: inson omillari, iqlim va ob-havo sharoiti, drenajdan samarali foydalanmaslik, sho‘r suv resurslari, o‘rmonlarning kesilishi va o‘simliklarning o‘zgarishi va tuproq eroziyasi kabi omillarni misol qilish mumkin. Dunyo miqyosida tahminan 830 million gektar qishloq xo‘jaligi yerlari inson iste’moli uchun foydalaniladi va uning 6 foizi yuqori darajada sho‘rlangan. Taxminlarga ko‘ra, sho‘rlanish darajasining o‘sishi davom etsa, 2050 yilga borib mavjud ekin maydonlarining 50 foizi sho‘rlanish stressiga duchor bo‘lishi mumkin.

G‘o‘za o‘simligi qishloq xo‘jalik ekinlari orasida tarqalgan eng muhim tabiiy tolali ekinlardan biri bo‘lib, yer yuzi bo‘ylab uzoq yillardan beri keng dala maydonlariga ekilib kelinadi. Yildan yilga tuproq sho‘rlanish darajasi ortib borishi g‘o‘za o‘simligini yetishtirishda salbiy muammolar duch kelmoqda. Tuprog‘i sho‘rlangan dala maydonlarida g‘o‘za o‘simligidan tez, yuqori va sifatli hosil olishning eng muhim yechimlaridan biri, molekulyar biotexnologiya va molekulyar genetika usullari yordamida tuz stressiga chidamli yangi g‘o‘za navlarni yaratish va ularni ishlab chiqarishga keng joriy etishdir. Odatda g‘o‘za o‘simligi o‘rtacha tuz stressiga chidamli ekin bo‘lib, sho‘rlanish darajasi 7,7 *dS*/m^{-}1(decisiemens per metre) gacha. Mazkur tadqiqot ishida, g‘o‘za namunalari uch takrorda tasodifiy dizaynda laboratoriya muhitida o‘tkazildi. Mazkur tadqiqotda F_9Namangan-77 × KK-1795 asosida olingan 97 ta selektsion populyatsiyalari va nazorat namunalari sifatida tuz stressiga chidamli An-Boyovut-2 va o‘rtacha chidamli Namangan-77 mahalliy g‘o‘za navlari olindi. Dastlab, ushbu namunalarda 3-chin bargi hosil bo‘lgunga qadar 20 kun davomida oddiy suv bilan sug‘orilgan bo‘lsa, keyin, 15 kun davomida NaCl ning 10 *dS*/m^{-}1 va 20 *dS*/m^{-}1 eritmali suv bilan taminlandi va fenotipik kuztuv ishlari olib borildi. To‘plangan barcha asosiy morfo-biologik jumladan: umumiy o‘simlik uzunligi, poya va ildiz uzunlig, umumiy o‘simlik, poya va ildiz biomassasi, quruq poya va ildiz vazni, xlorafill pigment miqdori hamda chin barglar soni kabi muhim fenotipik belgilari to‘plandi. Olingan barcha ma’lumotlarni, Stata 17 va OriginPro-2022 dasturlari asosida statistik taxlil qilindi. Statistik tahlil natijalariga ko‘ra, eng muhim fenotipik belgilaridan o‘simlik

uzunligi bo‘yicha, optimal muhitda o‘stirilgan retsipient Namangan-77 g‘o‘za navining uzunligi o‘rtacha 30,6 sm, An-Boyovut-2 da 31 sm, KK-1795 donor liniyasida 30,1 smni tashkil etdi. Shuningdek, RIL populyatsiyalarida ushbu belgi bo‘yicha, optimal muhitda 97 dona liniyaning o‘rtacha uzunligi 29,7 sm, NaClning 10 *dS*/m^{-}1 tuzli sug‘orish rejimida 27,5 smni tashkil etgan bo‘lsa, NaClning 20 *dS*/m^{-}1 sug‘orish rejimida 24,5 sm bo‘lganligi aniqlandi. Ikkinchi eng muhim fenotipik belgilaridan hisoblangan umumiy ildiz uzunligi bo‘yicha, RIL populyatsiyasida optimal muhitda o‘rtacha 10,5 sm, NaCl ning 100 mM va 200 mM stressi ostida 11,7 sm va 10,9 sm ni tashkil etdi.

O‘rganilgan fenotipik belgilar bo‘yicha RIL populyatsiyalar orasida eng yuqori ko‘ratkichlar RIL-56, RIL-03, RIL-84, RIL-60, RIL-48, RIL-63, RIL-71, RIL-52, RIL-89, RIL-50, RIL-62, RIL-59, RIL-53, RIL-85 va RIL-51 da kuztildi. Shu tanlab olingan liniyalar kelajakda seleksiya sohasida tuz strssiga chidamli yangi navlarni yaratishda va malekulyar genetika va biotexnologiya soxasida mazkur stressga javob beradigan QTL (Quantitative Trait Loci) va nomzod genlarni aniqlashda keng foydalaniladi.

BUG‘DOYNING BEKKROSS POPULYATSIYALARIDA SARIQ ZANG KASALLIGIGA CHIDAMLILIGINING IRSIYLANISHINI FENOTIPIK BAHOLASH

Ochilov B.O., Meliev S.K., Aytenov I.S., Melikuziyev F.A.,
Shokirova D.Sh., Isoqulov M.Z., Murodova S.M.

O‘zR FA Genetika va o‘simliklar eksperimental biologiyasi instituti
O‘zbekiston, Toshkent viloyati, Qibray tumani, Yuqori-Yuz
e-mail: *behruz.ochilov1995@mail.ru*

Bug‘doy dunyoda eng ko‘p ekiladigan va iste’mol qilinadigan ekin bo‘lib, yer yuzi aholisining eng asosiy oziq ovqat ekinlaridan biridir. Markaziy Osiyoda esa ushbu ekin aholi kunlik kaloriyasining 50 foizidan ko‘prog‘ini tashkil etib, region yillik un non maxsulotlari iste’moli bo‘yicha dunyoda eng yuqori o‘rinda turadi. Lekin mintaqada bug‘doy ekinidan olinadigan don hosili past bo‘lib, ushbu ekindan

olinadigan don hosili tashqi muhitning noqulay biotik va abiotik stress omillari ta’sirida yanada kamaymoqda.

Bug‘doyning sariq zang qo‘zg‘atuvchisi *Puccinia striiformis* f.sp. *tritici West.*, uzoq masofali migratsiyaga qodir bo‘lib, uning bu xususiyati ham mahalliy, ham global miqyosda oziq-ovqat xavfsizligiga tahdid solib kelmoqda. Biotik ta’sirlardan bug‘doyning zang kasalliklari, ayniqsa keyingi ikki o‘n yillikda sariq zang epifitotiyalari, don yetishtirishda eng katta zararni keltirmoqda. Sariq zangning kuchli epifitotiyalari kuzatilib turadi va bu himoya qilinmagan hududlarda 85 % gacha, kasallik kechroq boshlangan mintaqalarda esa 20-50 % gacha hosil yo‘qotilishiga sabab bo‘ladi. Buning sabablaridan biri ekilayotgan 30 ga yaqin bug‘doy navlarining barchasi ushbu kasallikka o‘ta chidamsiz navlar ekanligidir.

Bug‘doyda bekkross chatishtirish “Monte-Karlo” metod sxemasiga asoslangan holda tadqiqot olib borildi. Tajribada o‘simliklarning chatishtirish ishlari Tvel boshoq-boshoq usuli yordamida amalga oshirildi. Bug‘doyning sariq zang kasalligi bilan zararlanish darajasini (%) aniqlash uchun Kobb shkalasi (0; R; MR; MS; S tiplar) yordamida, ko‘z bilan chamalab hisobga olindi.

Tajribada bekkross to‘rtinchi avlodning (BC_4F_1) Yr10/6 x Grom va Yr15/6 x Grom kombinatsiyalarida sariq zang kasalligining irsiylanishini fenotipik baholandi. Sariq zangga irsiylanishini baholash 3 fazada (naychalash, boshoqlash, gullash) olib borildi. Dastlabki baholash (naychalash fazasida) natijalariga ko‘ra Yr 10/6 x Grom kombinatsiyasida kasallanish 129 namunadan 18 tasida 0 tipdagi , 2 tasida Mr, 49 tasida MS va 60 tasida S tipdagi kasallanish tipini namoyon etgan. Boshoqlash fazasida sariq zangga irsiylanishi baholanganda keskin darajadagi o‘zgarish kuzatilmagan. Gullash fazasida 49 tasida MS tipda, 66 tasi S tipda, 6 tasi Mr, 1 tasi R, 7 tasi 0 tipdagi kassalanish tiplarini namoyon etdi. Yr 15/6 x Grom kombinatsiyasida 126 namunada sariq zang kasalligining irsiylanishini fenotipik baholandi. Bunda dastlabki naychalash fazasida namunalarning 32 tasida S tipdagi, 60 tasi MS, 8 tasi Mr va 26 tasi 0 tipdagi

kasallanish tiplarini namoyon etdi. Bu kombinatsiyada ham boshoqlash fazasida kasallanish tiplari bo‘yicha keskin o‘zgarish kuzatilmadi. Gullash fazasida namunalarning 44 tasida S tipdagi, 53 tasida MS, 8 tasida Mr, 4 tasida R va 17 tasi 0 tipdagi kasallanish tiplarini namoyon etdi.

Xulosa qilib aytganda, tajribada chidamli izogen tizmalarda chidamlilik genini kuchaytirish uchun bekkross chatishtirish olib borildi va dastlabki natijalarda fenotipik jihatda kuzatilganda kasallikka chidamli o‘simliklar olingan va ular o‘zida ham hosildorlik, ham chidamlilik genlarini jamlagan. Ushbu natijalar fenotipik baholangan bo‘lib, ularni genotipik natijalar asosida keyingi tadqiqotlarda o‘rganib isbotlash maqsad qilindi. Bu chatishtirishini ko‘proq takrorlash orqali chidamlilik belgisini yanada kuchaytirish va oxir oqibat chidamli, hosildor nav olish mumkin bo‘ladi.

TURLI SUV REJIMI SHAROITIDA YETISHTIRILGAN O‘RTA TOLALI G‘O‘ZA GENOTIPLARINING QIMMATLI-XO‘JALIK BELGILARINI KO‘P TARMOQLI TAHLILI

Shavqiyev J.Sh.[1], To‘lqinova X.Sh.[1], Azimov A.A.[1], Makamov A.X.[3]

[1]O‘zR FA Genetika va O‘simliklar Eksperimental Biologiyasi Instituti
O‘zbekiston, Toshkent viloyati, Qibray tumani, Yuqori-Yuz
[2]Chirchiq Davlat Pedagogika Instituti
O‘zbekiston, Toshkent viloyati, Chirchiq, Amir Temur ko‘chasi, 104
[3]O‘zR FA Genomika va bioinformatika markazi
O‘zbekiston, Toshkent viloyati, Qibray tumani, Universitet ko‘chasi, 2
e-mail: *jaloliddin*.1992@mail.ru

Hozirda global miqyosda kechayotgan iqlim o‘zgarishlari kelajakda suv tanqisligini yanada kuchayishiga olib keladi. Bu o‘zgarishlar yaqin kelajakda ham davom etishini hisobga olsak, suv tanqisligi butun dunyo bo‘ylab ekin yetishtirish yo‘lidagi jiddiy to‘siqqa aylanib bormoqda. Bu vaziyatda suv tanqisligiga chidamli navlarni yaratish zarurati ortadi. Qurg‘oqchilik sharoitida g‘o‘za o‘simligining

xosildorligining pasayib ketishi asosan, bu stress ta’sirida hosil elementlarining sonining kamayib ketishi bilan izohlanadi.

Tajriba va nazorat variantlarining chigitlari suv rejimi bo‘yicha farqlanadigan 2 ta fonga, ya’ni suv bilan optimal ta’minlanganlik foniga (1-2-1 sug‘orish sxemasi, chigit suvi bilan hisoblanganda sarflangan jami suv hajmi 4800-5000 m^3/ga), suv tanqisligi foniga (sug‘orish sxemasi 1-1-0, chigit suvi bilan hisoblanganda sarflangan jami suv hajmi 2800-3100 m^3/ga) ekildi. Bunda modellashtirilgan qurg‘oqchilik, ya’ni suv tanqisligi foni o‘simliklar vegetatsiyasining yalpi gullash davrida sug‘orish sonini kamaytirish va gullashdan keyin sug‘orish o‘tkazmaslik hisobiga tashkil qilindi.

Tadqiqot ob’ekti sifatida g‘o‘zaning *G. hirsutum* L. turiga mansub, irsiy jihatdan kelib chiqishi turlicha bo‘lgan 22 ta nav va tizmalaridan foydalanildi.

G‘o‘zaning turli genotiplarida qurg‘oqchilikka nisbatan chidamliligi bo‘yicha daladagi namlik stressiga javobini baholash bo‘yicha o‘tkazilgan tadqiqotlar natijasida hosildorlik va unga bog‘liq ko‘rsatkichlar gullash davridagi suv ta’siriga javoban barcha nav va tizmalarda sezilarli darajada kamaygani kuzatildi. Suv tanqisligi ta’sirida g‘o‘za tola hosildorligining kamayishi, birinchi navbatda, ko‘saklar sonining kamayishi bilan bog‘liq. Tajriba mobaynida suv tanqisligi stress sharoitida qurg‘oqchilikka chidamlilik darajalarini aniqlash indekslaridan foydalanib, suv tanqisligiga chidamlilik indekslarining ko‘rsatkichlari aniqlandi.

Turichi va turlararo g‘o‘za genotiplarining chidamlilik indekslarining ko‘rsatkichlari bo‘yicha klaster tahlili asosida Ward's metodining dendagrammasi ishlab chiqildi. Unga ko‘ra, o‘rta tolali g‘o‘za genotiplari turli suv rejimida suv tanqisligiga chidamlilik indekslari bo‘yicha o‘rganilganda, T-1001, T-1002, Navbahor-2, Arg‘umon va T-1050 g‘o‘za nav va tizmalari suv tanqisligiga chidamli ekanliklari aniqlandi. Aksincha, Samara, C-6524, Zamin, T-1037, T-1023 g‘o‘za nav va tizmalari suv tanqisligiga chidamsiz ekanligi aniqlandi. Undan tashqari, suv tanqisligiga o‘rtacha

chidamli o‘simliklar ham aniqlandi. Bular, Gulbahor-2, Sadaf, Gulshan, Hosilot, Zafar, T-500, T-1033, T-1068, T-1048, T-1024 nav va tizmalar hisoblanadi. Xulosa qilib aytadigan bo‘lsak, yuqoridagi T-1001, T-1002, Navbahor-2, Arg‘umon va T-1050 g‘o‘za nav va tizmalari qurg‘oqchilikka chidamli bo‘lib, hosil va hosil elementlarining ko‘rsatkichlari bo‘yicha suv tanqisligi sharoitida kamayishidagi farq ishonchli farqlanmadi. Demak, yuqoridagi o‘simliklar suv tanqisligi sharoitida ekilganda yaxshi natija berishi mumkin.

G. hirsutim L turiga mansub genotiplardan suv bilan optimal ta’minganlik sharoitiga nisbatan suv tanqisligi sharoitida bitta o‘simlik mahsuldorligi, bitta ko‘sakdagi paxta og‘irligi ko‘rsatkichlari turli darajada kamayishi aniqlandi. O‘rganilgan g‘o‘za nav va tizmalarida o‘simlikning o‘rtacha mahsuldorligi, hosilning barqarorlik indeksi, stressga ta’sirchanlik indeksi va stressga bardoshlilik indeksi ko‘rsatkichlarining tahlili asosida “T-1001, T-1002, Navbahor-2, Arg‘umon va T-1050 g‘o‘za nav va tizmalariga nisbatan suv tanqisligiga chidamli ekanliklari aniqlandi. Aksincha, Samara, C-6524, Zamin, T-1037, T-1023 g‘o‘za nav va tizmalari suv tanqisligiga chidamsiz ekanligi aniqlandi. Fenologik ko‘rsatkichlar bo‘yicha esa, suv tanqisligi sharoitida bosh poya balandligi, hosil shoxlar soni, bo‘g‘imlar soni, o‘simlikdagi umumiy ko‘sak soni va ochilgan ko‘sak soni bo‘yicha eng yuqori ko‘rsatkichlar T-1050 tizmasida aniqlandi. Undan tashqari T-1002, T-1003, Navbahor-2, T-1048, T-1001, Arg‘umon kabi genotiplarda suv bilan optimal ta’minlanganlik sharoitiga nisbatan suv tanqisligi sharoitda deyarli o‘zgarish aniqlanmadi. Yuqoridagi ma’lumotlarga va tajribalarga asosan, suv tanqis mintaqalarga va yaqin yillarda “T-1001, T-1002, Navbahor-2, Arg‘umon va T-1050 genotiplarini ekish va g‘o‘zaning qurg‘oqchilikka chidamlilik seleksiyasida qimmatli boshlang‘ich ashyo sifatida foydalanish maqsadga muvofiqligini ko‘rsatadi.

MOSH O‘SIMLIGINING NAV VA TIZMALARINI SUV TANQISLIGIGA CHIDAMLILIK INDEKSLARI

Saitjanov Sh.A., Azimov A.A., Shavqiyev J.Sh.

O‘zR FA Genetika va O‘simliklar Eksperimental Biologiyasi Instituti
O‘zbekiston, Toshkent viloyati, Qibray tumani, Yuqori-Yuz
e-mail: jaloliddin.1992@mail.ru

Dukkakli ekinlar sog‘lom va muvozanatli inson ratsionining asosiy qismi bo‘lib, ko‘plab jiddiy kasalliklarning oldini olishda muhim rol o‘ynaydi. Mosh dukkakli o‘simlik bo‘lib, u diploid, o‘z-o‘zini changlatuvchi, tez o‘sadigan va qisqa muddatli, ekin intensivligi va hosildorlikni oshirish uchun yozgi o‘simliklardan samarali foydalanishga yordam beradi. Bu o‘simlik oqsillari, mikroelementlar, flavonoidlar va fenolik moddalar kabi antioksidantlarga boy ekindir. Yem-xashak va yashil go‘ng sifatida ham foydalanish mumkin. Mosh turli xil biotik va abiotik omillar ta’siri natijasida hosildorlik potentsiali kamayadi. Qurg‘oqchilik stressi ostida moshning ho‘l va quruq vazn hamda hosildorligi sezilarli darajada kamayishini aniqlangan.

Tadqiqot ob’ekti sifatida moshning (*Vigna radiata* (L.) Wilczek.) turiga mansub, irsiy jihatdan kelib chiqishi turlicha bo‘lgan 10 ta nav va tizmalaridan foydalanildi. Tajriba va nazorat variantlarining urug‘lari suv rejimi bo‘yicha farqlanadigan 2 ta fonga, ya’ni suv bilan optimal ta’minlanganlik foniga va suv tanqisligi foniga ekildi. Bunda modellashtirilgan qurg‘oqchilik, ya’ni suv tanqisligi foni o‘simliklar vegetatsiyasining yalpi gullash davrida sug‘orish sonini bir marta o‘tkazish hamda gullashdan oldin va keyin sug‘orish o‘tkazmaslik hisobiga tashkil qilindi. Tajribada nazorat, ya’ni suv bilan optimal ta’minlanganlik sharoitida o‘simlik mahsuldorligi (bitta o‘simlikka to‘g‘ri keladigan dukkaklardagi umumiy don o‘g‘irligi) ko‘rsatkichi bo‘yicha 10 ta mosh nav va tizmalarida o‘zaro yaqin va keskin farqlar bo‘ldi. Suv tanqisligi sharoitida o‘simlik mahsuldorligi mosh nav va tizmalarida suv bilan optimal ta’minlanganlik sharoitiga nisbatan keskin kamayish qayd etildi. Tajribada 10 ta mosh genotipida dala sharoitida o‘simlik mahsuldorligi bo‘yicha suv tanqisligiga

chidamliligini baholash o‘rganilganda, bunda hosil indeksi Ishonch navida eng yuqori ko‘rsatkichda 1.83 va eng past korsatkichda esa L-59 va L-92 tizmalarida (mos ravishda 0.52 va 0.52) aniqlandi. Suv tanqisligiga chidamlilik indekslaridan hosil stabillik indeksi bo‘yicha esa mosh o‘simligining Barqaror navi eng yuqori ko‘rsatkichda 0.80 va eng past korsatkichda esa L-59 tizmasida 0.29 nisbatda aniqlandi. Bu esa Barqaror va Ishonch navlarining qurg‘oqchilikka chidamli ekanligini ko‘rsatadi. Mosh o‘simligida stress intensivligi belgisi L-59 tizmasida eng yuqori ko‘rsatkichda 0.94 va L-92 tizmasida esa eng past ko‘rsatkichda 0.13 da aniqlandi. O‘simliklarda stressga moyillik foiz indeksi o‘rganilganda, eng yuqori indeksi esa L-59 tizmasida 46,87 % da, Barqaror va L-92 genotiplari eng past ko‘rsatkichda (mos ravishda 7.0 % va 6.56 %) qayd etildi, ya’ni oxirgi ikkita nav va tizma suv tanqisligiga boshqa navlarga nisbatan past ko‘rsatkichlarda ta’sirchanlik namoyon etdi. Dala sharoitlarida mosh genotiplarining stressga ta’sirchanlik indeksi o‘rganilganda, nazorat Durdona navida bu ko‘rsatkich 1,21 ni, L-59 tizmasida esa 1,50 ni, Ishonch va Barqaror navlarida esa mos ravishda 0,52 va 0,42 ni tashkil etdi, ya’ni oxirgi ikkita nav suv tanqisligiga boshqa navlarga nisbatan kam ta’sirchanlik kuzatildi. Bu esa Ishonch va Barqaror mosh navlarining bu ko‘rsatkichlar bo‘yicha boshqa genotiplarga nisbatan suv stressiga chidamli ekanliklarini, L-59 tizmasi esa suv stressiga o‘ta chidamsiz ekanligini ko‘rsatadi. Tajribadagi mosh nav va tizmalarida stressga chidamlilik indeksining eng yuqori ko‘rsatkichi Ishonch navida 1.22 va eng past ko‘rsatkich L-92 tizmasida 0.19 nisbatda aniqlandi.

Tajriba natijalariga asoslangan holda, turli suv rejimi sharoitlarida mosh nav va tizmalarining suv tanqisligiga chidamligini baholanishining klaster tahlil qilindi. Bunda suv tanqisligiga chidamlilikni baholashda stressga ta’sirchanlik indeksining foiz ko‘rsatkichi, qurg‘oqchilikka chidamlilik indeksi va qurg‘oqchilikka nisbiy chidamlilik indeksi ko‘rsatkichlarining dispersiyasi chidamlilikni baholovchi boshqa ko‘rsatkichlarga nisbatan barqaror ekanliklari aniqlandi. Natijada stressga ta’sirchanlik

indeksining foiz ko‘rsatkichi, qurg‘oqchilikka chidamlilik indeksi va qurg‘oqchilikka nisbiy chidamlilik indeksi ko‘rsatkichlarining klaster tahlili suv tanqisligiga chidamli genotiplarni tanlab olishga imkonini berishi hamda Barqaror, L-92 va Ishonch genotiplari suv tanqisligiga chidamli ekanligi aniqlandi.

Xulosa qilib shuni aytish mumkinki, moshning Barqaror, L-92 va Ishonch nav va tizmalari qurg‘oqchilik seleksiyasi uchun ijobiy donor bo‘lishi mumkin.

YUMSHOQ BUG‘DOY (*TRITICUM AESTIVUM* L.) TURIDA YOTIB QOLISHGA CHIDAMLILIKNI O‘RGANISHNING AHAMIYATI VA FOYDALANISH ISTIQBOLLARI

Soqiboyeva D.B., Ernazarova D.Q., Kushanov F.N.

O‘zR FA Genetika va o‘simliklar eksperimental biologiyasi instituti
O‘zbekiston, Toshkent viloyati, Qibray tumani, Yuqori yuz p/b
e-mail: igebr@academy.uz

Bug‘doy (*Triticum aestivum* L.) eng muhim oziq-ovqat ekinlaridan biri bo‘lib, global oziq-ovqat havfsizligini belgilashda muhim rol o‘ynaydi. Dunyo aholisining o‘sishi bilan 2050 yilga kelib oziq-ovqat havfsizligini ta’minlash uchun bug‘doy ishlab chiqarishni 70 % dan ko‘proqqa oshirish kerak. Dunyo bo‘yicha g‘allachilikning eng surunkali cheklovlaridan biri - yotib qolish orqali o‘rim-yig‘im bosqichiga yaqin bug‘doy hosilining pasayishi hisoblanadi. Hozirda respublikamizda kuzgi bug‘doy asosan sug‘oriladigan maydonlarda yetishtirilib turli agrotexnik tadbirlar, sug‘orish hamda o‘g‘itlash me’yorlari va tashqi muhitning bir qator ta’sirlari: kuchli shamollar, bo‘ron va yomg‘irlar natijasida bug‘doyning yotib qolishi don sifati va hosildorlikni keskin kamayishiga olib keladi. Bu esa o‘z navbatida, fermer xo‘jaliklarining iqtisodiy jihatdan barqaror rivojlanishiga salbiy ta’sir ko‘rsatadi.

Bugungi kunda g‘allachilikda kuzgi yumshoq bug‘doyda yotib qolish muammosini bartaraf qilishda agronomlar, seleksionerlar, fiziologlar va molekulyar biologlar qo‘shimcha tadqiqotlar o‘tkazishga ehtiyoj sezadilar. Ushbu xususiyatlarni aniqlashda molekulyar belgilarni ishlab chiqish seleksiya samaradorligini oshiradi.

Bug‘doyda yotib qolishni o‘rganish bo‘yicha qator izlanishlar olib borilgan Meksikadagi CIMMYT xalqoro ilmiy markazi a’zosi amerikalik agronom Norman Ernest Borlaug birinchilardan natijaga erishdi. U tadqiqotlar jarayonida bug‘doyning past bo‘yli, yuqori hosildor, kasalliklarga va yotib qolishga chidamli navlarini olishga musharraf bo‘lgan. Natijada 1970 yilda oziq-ovqat ta’minotini oshirishga qo‘shgan hissasi uchun Nobel mukofotiga sazovor bo‘ldi.

Yana bir guruh olimlar bug‘doyda yotib qolish sabablarini klassik misollar yordamida o‘rganishgan. Yotib qolishga chidamlilikda o‘simlik bo‘yi, bo‘g‘imlararo uzunlik, poya devorining qalinligi, ildiz tizimi hamda ularning biokimyoviy tahlili o‘tkazilgan. Tadqiqot natijalariga ko‘ra, morfologik va anatomik xususiyatlar bilan birga poyaning kimyoviy tarkibini nazorat qilish usullaridan foydalanish samarali ekanligi tasdiqlangan.

Yotib qolishga chidamlilik poyaning anatomik va morfologik xususiyatlariga bog‘liq bo‘lib, past bo‘yli genlarni aniqlash (Rht) shuningdek, eng samarali genlarni joriy etish va ularning allellarini (Rht-B1b, Rht-D1b, Rht8) bug‘doy genomiga kiritish bo‘yicha ham qator tadqiqotlar olib borilgan.

Shunday ekan, bug‘doyda yotib qolishga chidamli tizma va navlarni yaratishda molekulyar markerlardan foydalanish samarali natijalar beradi. Chunki marker asoslangan seleksiya (MAS) texnologiyasi orqali yotib qolishga chidamli navlarning rivojlanishini sezilarli darajada tezlashtiradi. Buni inobatga olgan holda ushbu belgini o‘rganish maqsadida O‘zR FA Genetika va o‘simliklar eksperimental biologiyasi institutida tadqiqot ishlari olib borilmoqda. Tadqiqot namunalari sifatida morfobiologik tavsiflari asosida 25 ta mahalliy rayonlashgan navlar, 5 ta istiqbolli tizmalar hamda 10 ta introgressiv bug‘doy tizmalari tanlab olindi. Molekulyar tadqiqotlarni olib borish maqsadida tanlangan namunalarning yosh barg to‘qimalaridan CTAB usulining (Doyle, 1990) ma’lum darajada modifikatsiyalangan varianti asosida genom DNKsi ajratildi. Laboratoriyada bug‘doyning yotib qolishga chidamlilik belgilariga

bog‘langan praymerlar tanlab olindi. Tanlangan markerlar (GWM247, gwm18, BARC19) orqali olingan PZR natijalari asosida mazkur navlarning yotib qolishga chidamliligini filogenetik jihatdan klasterlash imkonini beradi. SSR tahlili yotib qolishga chidamlilik bilan bog‘liq asosiy genni aniqlashda muhim rol o‘ynaydi. Bu o‘simlik seleksionerlariga turli genotiplar uchun yotib qolishga chidamlilik darajalarini farqlash va genotiplarni aniqlash uchun foydali bo‘lishi mumkin. Shuningdek tanlangan praymerlar kelajakda bug‘doyda yotib qolishga chidamlilik xususiyatlarini molekulyar xaritalash uchun ishonchli manbalar bo‘lib xizmat qiladi.

THE INFLUENCE OF ABIOTIC FACTORS ON THE GENOTYPE OF DIFFERENT WHEAT VARIETIES AND THE VARIABILITY OF THE PRODUCTIVITY

Tajibayev G‘.A.[1], Allambergenov T.D.[2], Djarosov A.J.[2]

[1]Institute of Genetics and Plant Experimental Biology. Republic of Uzbekistan
Yukori-yuz, Qibray district, Tashkent region, Uzbekistan
[2]Karakalpakstan Institute of Agriculture and Agrotechnologies
Abdambetov Street, Nukus, Republic of Karakalpakstan, Uzbekistan
e-mail: gulomjon.tajibayev@mail.ru

Wheat *(Triticum aestivum L.)* Soft wheat is one of the most important grain crops in world agriculture. 740 mln. wheat harvest in 2017-2027 833 million tonnage is expected to be delivered, and this will lead to a 13 % increase in world grain production. In recent years, global climate change has had a strong negative impact on wheat productivity, complete grain formation and quality. Wheat meets 23 % of the total calories and 21 % of the protein needs of more than 4.7 billion people in 96 developing countries.

It is the genetic makeup of a variety that is characterized by a favourable environment and produces different yields in different environments. Selection of improved and high-yielding genotypes of various grain crops that are widely adapted to ecological conditions is important for increasing yield per hectare. Knowledge of the genetic variation present in existing crop species is critical to the success of any plant

breeding program. The combined effects of genetic and environmental factors account for the variability observed in our studies. The effect on the change of wheat yield was observed.

Wheat production in Uzbekistan is mainly based on the modern type: common (*Triticum aestivum, 2n=6x=42, AABBDD*). In Karakalpakstan, wheat is the main food crop, higher than rice in terms of production area, production and productivity. It is grown in Karakalpakstan in the autumn season and is grown at the end of the summer season. At present, wheat cultivation areas in Karakalpakstan will be 53,000 hectares, the total gross harvest will be 2,531.20 tons, and the yield will be 47.8 s/ha in 2023. As of October 2023 in Karakalpakstan, wheat is grown on a total area of 5,200 ha in Nukus district, with a total gross yield of 23,685 t and a yield of 45.5 s/ha. In Beruni district, wheat is planted on a total area of 4950 ha, the total gross harvest is 28880 t and the yield is 52.3 s/ha, and in Kongirot district, wheat is planted on a total area of 3050 ha, the total gross harvest is 12985 t and the yield is 42.6 s/ha. did.

Our research conducted in the conditions of Karakalpakstan was carried out at the scale of three districts, and Asr, Davr, and Gurt varieties of wheat planted on irrigated lands were selected.

According to the productivity indicators, it was found that the overall productivity at the district level is higher in Beruni and Nukus districts. In Kunirot district, the yield was determined to be 42.6 s/ha. Using data from the Karakalpakstan Geodetic Automatic Weather Station, we set the ecological context for these experiments. In this table, we have compared with the weather data of Beruni district, which has a high yield.

The results obtained during our research show that the average January air temperature in Kungirot district, which has the lowest productivity index, is -27.2°C, this coldness lasted until April, the air temperature in April was -3.8 ^o formed C. The main heat started in May and lasted until July, with an average temperature of 27.7°C.

Based on the obtained results, we made the following conclusions: Air temperature in autumn soft wheat varieties, changes in the genes responding to productivity as a result of cold air temperature in the winter months, and it was found that most of the stems died as a result of frostbite and productivity indicators decreased.

TURLI SUV REJIMI SHAROITIDA O‘RTA TOLALI G‘O‘ZA GENOTIPLARINING CHIGIT OG‘IRLIGI KO‘RSATKICHINING TAHLILI

To‘lqinova X.SH.[1], Shavqiyev J.SH.[2], Azimov A.A.[2], Makamov A.X.[3]

[1]Chirchiq Davlat Pedagogika Instituti
O‘zbekiston, Toshkent viloyati, Chirchiq, Amir Temur ko‘chasi, 104
[2]O‘zR FA Genetika va o‘simliklar eksperimental biologiyasi instituti
O‘zbekiston, Toshkent viloyati Qibray tumani, Yuqori yuz
[3]O‘zR FA Genomika va bioinformatika markazi
O‘zbekiston, Toshkent viloyati, Qibray tumani, Universitet ko‘chasi, 2
e-mail: xadichatolqinova@gmail.com

G‘o‘za hosildorligining pasayishidagi asosiy muammo-sug‘orish suvining yetishmasligi bilan bog‘liqdir. Shuning uchun, suv tanqisligi sharoitlariga bardosh bera oladigan yangi navlarni yaratish paxtachilik fani oldida turgan eng dolzarb vazifalardan hisoblanadi. Hozirda global miqyosda kechayotgan iqlim o‘zgarishlari kelajakda suv tanqisligini yanada kuchayishiga olib keladi. Bu o‘zgarishlar yaqin kelajakda ham davom etishini hisobga olsak, suv tanqisligi butun dunyo bo‘ylab ekin yetishtirish yo‘lidagi jiddiy to‘siqqa aylanib bormoqda. Bu vaziyatda suv tanqisligiga chidamli navlarni yaratish zarurati ortadi. Qurg‘oqchilik sharoitida g‘o‘za o‘simligida chigit xosildorligining pasayib ketishi asosan, bu stress ta’sirida chigit shakllanuvchi ko‘saklar sonining kamayib ketishi bilan izohlanadi.

Tajriba va nazorat variantlarining chigitlari suv rejimi bo‘yicha farqlanadigan 2 ta fonga, ya’ni suv bilan optimal ta’minlanganlik foniga (1-2-1 sug‘orish sxemasi, chigit suvi bilan hisoblanganda sarflangan jami suv hajmi 4800-5000 m^3/ga), suv tanqisligi foniga (sug‘orish sxemasi 1-1-0, chigit suvi bilan hisoblanganda sarflangan jami suv hajmi 2800-3100 m^3/ga) ekildi. Bunda modellashtirilgan qurg‘oqchilik, ya’ni

suv tanqisligi foni o‘simliklar vegetatsiyasining yalpi gullash davrida sug‘orish sonini kamaytirish va gullashdan keyin sug‘orish o‘tkazmaslik hisobiga tashkil qilindi.

Tadqiqot ob’ekti sifatida g‘o‘zaning *G. hirsutum* L. turiga mansub, irsiy jihatdan kelib chiqishi turlicha bo‘lgan o‘rta tolali g‘o‘za nav va tizmalari foydalanildi.

Tajriba davomida 22 ta genotip tahlil qilinganda quyidagilar aniqlandiki, suv bilan optimal ta’minganlik sharoitida o‘simlik nav va tizmalarning 1000 ta chigit og‘irligi bo‘yicha eng yuqori natijalar T-1050 (129,7±1,45g), T-1003 (129,3±2,96 g), T-1033 (127,7±1,45 g), T-1002(126±3,21g) tizmalarida hamda Zamin (127±4,93g) va Sadaf (124,3±2,96 g) navlarida aniqlandi. Eng past ko‘rsatkichlar esa, Hosilot (98,7±2,33g) navida va T-1001 (102±3,06g) tizmasida qayd etildi. Suv tanqisligi sharoitida esa eng yuqori ko‘rsatkichlar T-1003 (124,7±2,03 g), T-1002 (122±3,51g), T-1033(121,3±2,03 g) tizmalarida va Guliston (116±2,08g) navida aniqlandi. 1000 ta chigit vazni bo‘yicha eng past ko‘rsatkich esa Hosilot (91±2,65g) va Zafar (98,7±3,38 g) navlarida aniqlandi.

Tajribamiz natijalaridan shuni xulosa qilish mumkinki, *G. hirsutim* L turiga mansub genotiplardan suv bilan optimal ta’minganlik sharoitiga nisbatan suv tanqisligi sharoitida 1000 ta chigit vazni turli darajada kamayishi aniqlandi. O‘rganilgan g‘o‘za nav va tizmalarida o‘simlikning 1000 ta chigit vazni ko‘rsatkichlarining tahlili asosida T-1050, T-1003, T-1033 , T-1002, Zamin va Sadaf g‘o‘za nav va tizmalari optimal suv bilan ta’minlanganlik sharoitida chigit vazni nisbatan yuqori va Hosilot va T-1001 g‘o‘za nav va tizmalarida esa chigit vazni kamroq ekanligi aniqlandi. Suv tanqisligi sharoitida esa T-1003, T-1002 , T-1033 va Guliston g‘o‘za nav va tizmalari yana yuqori natija ko‘rsatgan bo‘lsa, Hosilot va Zafar navlarida past ko‘rsatkich aniqlandi.

TUR ICHI VA TURLARARO G‘O‘ZA GENOTIPLARINING SUV TANQISLIGIGA CHIDAMLILIK DARAJALARI HAMDA TURLI SUV REJIMI SHAROITIDA BA’ZI MORFO-XO‘JALIK KO‘RSATKICHLARI

To‘lqinova X.SH.

Chirchiq Davlat Pedagogika Instituti
O‘zbekiston, Toshkent viloyati, Chirchiq, Amir Temur ko‘chasi, 104
e-mail: xadichatolqinova@gmail.com

O‘zbekistonda suv zahiralarining cheklanganligi, suv taqchilligining yildan-yilga kuchayib borayotgani uchun suv tejovchi agrotexnologiyalarni ishlab chiqishni va amaliyotda keng qo‘llashni talab etadi. O‘zbekiston Respublikasi Prezidentining 2022 yil 20-dekabrda O‘zbekiston Respublikasi Oliy Majlisi va O‘zbekiston xalqiga qilgan murojaatnomalarida mamlakatimizda taqchil bo‘lgan suvni tejash bo‘yicha tadqiqotlar olib borayotgan olimlardan aniq natijalar kutamiz, deb ta’kidladilar. Ushbu murojaatnomaga javoban, respublikamizda mavjud suv zahirasining asosiy qismi ishlatiladigan qishloq xo‘jaligida, xususan, uning asosiy tarmog‘i bo‘lgan paxtachilikda suv tejovchi texnologiyalarni ishlab chiqish va amaliyotga joriy qilish eng ustivor vazifalardan hisoblanadi. Bunday agrotexnologiyalar jumlasiga qurg‘oqchilikka chidamli g‘o‘za navlarini yaratish va ishlab chiqarishga joriy etish ham kiradi. Bunday navlarni yaratish g‘o‘zaning dunyoviy kolleksiyasi namunalaridan, chunonchi, suv tanqisligiga chidamlilik, tola sifati va boshqa noyob belgi va xususiyatlarga ega bo‘lgan yovvoyi va madaniy g‘o‘za turlaridan foydalanib yaratilgan turlararo tizmalarda qurg‘oqchilikka chidamlilikning fiziologik xususiyatlarini morfologik va qimmatli-xo‘jalik belgilari bilan bog‘liq holda tadqiq qilishni, bu tizmalarning zamonaviy molekular genetik usullardan foydalanishga yo‘naltirilgan amaliy tadqiqotlarni olib borish dolzarb va zaruriy ahamiyat kasb etadi.

Tajriba va nazorat variantlarining chigitlari suv rejimi bo‘yicha farqlanadigan 2 ta fonga, ya’ni suv bilan optimal ta’minlanganlik foniga (1-2-1 sug‘orish sxemasi, chigit suvi bilan hisoblanganda sarflangan jami suv hajmi 4800-5000 m^3/ga), suv tanqisligi foniga (sug‘orish sxemasi 1-1-0, chigit suvi bilan hisoblanganda sarflangan

jami suv hajmi 2800-3100 m^3/ga) ekildi. Bunda modellashtirilgan qurg‘oqchilik, ya’ni suv tanqisligi foni o‘simliklar vegetatsiyasining yalpi gullash davrida sug‘orish sonini kamaytirish va gullashdan keyin sug‘orish o‘tkazmaslik hisobiga tashkil qilindi.

Tadqiqot ob’ekti sifatida g‘o‘zaning *G. hirsutum* L. turiga mansub, irsiy jihatdan kelib chiqishi turlicha bo‘lgan 22 ta o‘rta tolali g‘oza nav va tizmalari foydalanildi.

O‘rta tolali g‘o‘za genotiplari turli suv rejimida suv tanqisligiga chidamlilik indekslari bo‘yicha o‘rganilganda, 18 ta qurg‘oqchilikka chidamlilik indekslarining Heat map klaster tahlillari bo‘yicha 22 ta genotip 3 ta guruhga bo‘lindi. Bunda suv tanqisligiga chidamsiz T-860, C-6524, Zamin, T-1023, T-1037 genotiplar va suv tanqisligiga chidamli T-1002, T-1003, Navbahor-2, Armug‘on, T-1048, T-1024, T-1050, Guliston genotiplar hamda o‘rtacha chidamli T-1001, T-924, Gulshan, Sadaf, Zafar, T-500, Hosilot, T-1033, T-1068 genotiplar aniqlandi. Chidamli genotiplarni saralashda 3 ta qurg‘oqchilikka chidamlilik indekslari (GMP, HM, MP) aniqlab berdi. Chidamsiz genotiplarni esa 2 ta qurg‘oqchilikka chidamlilik indekslari (DTE, RDY) bog‘liq ekanligi qayd etildi. Tajribadan o‘rta tolali turlararo va turichi g‘o‘za nav va tizmalarining turli suv rejimi sharoitidagi morfo-xo‘jalik belgilari hamda chidamlilik darajalariga ko‘ra, turlararo g‘o‘za genotipiga mansub, T-1050 tizmasi g‘o‘zaning qurg‘oqchilik seleksiyasi uchun ijobiy donor ekanligi aniqlandi.

ВЛИЯНИЕ ВОДООБЕСПЕЧЕННОСТИ НА РОСТ И ВИНОГРАДА

Хужамбердиева Ш. М.

Центр геномики и биоинформатики АН РУз
Узбекистан, Ташкентская область, Кибрайский район, ул. Университетская, 2
e-mail: *shohistakhujamberdiyeva@mail.ru*

Виноград относится к мезофитам-растениям с высокой требова-тельностью к почвенной влажности. Однако, благодаря большой пластичности может смириться с незначительными запасами влаги и произрастать при недостаточной водообеспеченности. Способность виноградного растения перестраиваться в связи с изменением условий существования обусловлена

физиологическими и морфологическими особенностями строения лозы, хорошо приспособившейся для быстрого передвижения и усвоения большого количества воды за счет интенсивной сосущей силы побегов, возникающей в результате сильного испарения воды листовой поверхностью и большой всасывающей силы корневой системы.

В целях изучения этого вопроса были проведены специальные исследования, в которых изучалась реакция винограда на уровень водообеспеченности в зависимости от фаз вегетации - выращивание растений при влажности почвы 30, 40,50, 60,70 и 80 % от ПВ, вегетационные поливы от 4 до 7, а также поливные нормы вегетационных поливов 600, 700, 800 и 1000 $м^3$/га.

По периодам роста и развития винограда расходование воды происходило следующим образом. В период от начала и до конца цветения винограда на транспирацию расходовалось 10-15 % влаги.

В период завязывания-созревания ягод растениями потреблялось 37-45 % общего количества воды и среднесуточный расход влаги на транспирацию в этот период составил примерно 70-100 $м^3$/га.

В фазу от начала созревания до полной зрелости ягод также расходуется большое количество воды в связи с высокими температурами воздуха. Среднесуточное испарение воды листьями в эту фазу вегетации растений составило 65-95 $м^3$/га в начале периода и 40-60 $м^3$/га к концу созревания ягод.

Опыты, проведенные нами, показали, что рост побегов зависит от влажности почвы. Наиболее интенсивный их рост отмечен при увеличении влажности почвы от 30 до 60 % от ПВ.

O‘RTA TOLALI G‘O‘ZA GENOTIPLARIDA MORFO-FIZIOLOGIK BELGILARINING O‘ZARO BOG‘LIQLIGI KO‘RSATKICHLARI

To‘lqinova X.SH.

Chirchiq Davlat Pedagogika Instituti
O‘zbekiston, Toshkent viloyati, Chirchiq, Amir Temur ko‘chasi, 104
e-mail: xadichatolqinova@gmail.com

Hozirgi kunda g‘o‘zaning qurg‘oqchilik, yuqori harorat, hasharot, zararkunandalar va kasalliklarga chidamlilik xususiyatlarini morfo-xo‘jalik va fiziologik belgilarning o‘zaro bog‘liqligi asosida chidamli navlarni yaratish mumkin.

Qurg‘oqchilikka chidamli navlarni samarali tanlash uchun turli morfo-xo‘jalik belgilarni fiziologik bog‘liqligini genotipik o‘rganish muhim ahamiyatga egadir. Suv tanqisligi g‘o‘zaning fiziologik mexanizmiga kuchli salbiy ta’sir ko‘rsatadigan omildir. Suvga bo‘lgan talabning eng yuqori darajasi gullash davrida sodir bo‘ladi, bu talab erta va kech gullash bosqichlarida nisbatan past bo‘ladi. Doimiy suvsizlik ta’sirida hosil elementlarining to‘kilishi hosildorlikning sezilarli darajada yo‘qotilishiga ham olib keladi. Qurg‘oqchilik g‘o‘zaning kech gullashi, ko‘saklar hosil bo‘lishining kechikishi va ko‘saklarda tolalar sonining kamayishiga olib kelishi aniqlangan.

Tadqiqot ob’ekti sifatida g‘o‘zaning *G. hirsutum* L. turiga mansub, irsiy jihatdan kelib chiqishi turlicha bo‘lgan 22 ta o‘rta tolali g‘oza nav va tizmalari foydalanildi.

Suv bilan optimal ta’minlanganlik (nazorat) sharoitlarida yetishtirilgan o‘rta tolali g‘o‘za genotiplarining morfo-fiziologik belgilari bo‘yicha korrelyatsion tahlili natijalariga ko‘ra, o‘simlik bo‘yi bilan hosil shoxlar soni (r=0,48*), o‘simlik bo‘yi bilan ko‘sak soni (r=0,66***), o‘simlik bo‘yi bilan ochilgan ko‘sak soni (r=0,54**), o‘simlik bo‘yi bilan bitta o‘simlikdagi paxta og‘irligi (r=0,32*), o‘simlik bo‘yi bilan 1000 ta chigit vazni (r=0,42*), hosil shoxlar soni bilan ko‘sak soni (r=0,69***), hosil shoxlar soni bilan ochilgan ko‘sak soni (r=0,64**), hosil shoxlar soni bilan bitta o‘simlikdagi paxta og‘irligi (r=0,45*), hosil shoxlar soni bilan 1000 ta chigit vazni (r=0,5583**), hosil shoxlar soni bilan barglardagi nisbiy suv miqdori (r=0,44*), hosil shoxlar soni bilan barglardagi yo‘qotilgan suv miqdori (r=0,38*); ko‘sak soni bilan ochilgan ko‘sak

soni (r=0,68***), ko‘sak soni bilan bitta o‘simlikdagi paxta og‘irligi (r=0,3706), ko‘sak soni bilan 1000 ta chigit vazni (r=0,49*); ochilgan ko‘sak soni bilan bitta o‘simlikdagi paxta og‘irligi (r=0,33*), ochilgan ko‘sak soni bilan 1000 ta chigit vazni (r=0,53*), ochilgan ko‘sak soni bilan barglardagi nisbiy suv miqdori (r=0,31*); ko‘sak og‘irligi bilan bitta o‘simlikdagi paxta og‘irligi (r=0,36*), 1000 ta chigit vazni bilan barglardagi nisbiy suv miqdori (r=0,32*) hamda barglardagi nisbiy suv miqdori bilan barglardagi yo‘qotilgan suv miqdori (r=0,42*) belgilari o‘rtasida o‘rtacha ijobiy bog‘liqlik qayd etildi. Shuningdek, bitta o‘simlikdagi paxta og‘irligi bilan 1000 ta chigit vazni (r=0,97***) o‘rtasida kuchli ijobiy korrelyatsiya borligi aniqlandi. Undan tashqari, o‘simlik bo‘yi bilan barglardagi yo‘qotilgan suv miqdori (r=-0,01*), ko‘sak og‘irligi bilan barglardagi nisbiy suv miqdori (r=-0,23*) belgilari orasida o‘zaro o‘rtacha salbiy korrelyatsiya borligi qayd etildi.

Tajribamiz natijalaridan shuni xulosa qilish mumkinki, *G. hirsutim* L turiga mansub o‘rta tolali g‘o‘za genotiplarining morfo-fiziologik belgilari bo‘yicha o‘zaro korrelyatsion tahlil qilinganda asosan o‘rtacha ijobiy o‘zaro bog‘liqliklar aniqlandi.

ЎРТА ТОЛАЛИ ҒЎЗАНИНГ ЯНГИ ГЕНОТИПИДА БОШ ПОЯ БАЛАНДЛИГИ КЎРСАТКИЧЛАРИНИНГ ПОПУЛЯЦИЯЛАР ФЕНОТИПИДА НАМОЁН БЎЛИШИ

Абдурасулов Ф.Ш., Каримов Э.Ё., Азимов А.А.,
Раҳимқулов Ё.И., Эргашев О.Р.

ЎзР ФА Генетика ва ўсимликлар экспериментал биологияси институти
Ўзбекистон, Тошкент вилояти, Қибрай тумани, Юқори-юз
e-mail: igebr_anruz@genetika.uz, www.genetika.uz

Ғўза генетикаси йўналиши бўйича амалга ошириладиган илмий тадқиқотларда мазкур ўсимлик турларидан ажратиб олинган генотипларнинг хўжалик учун муҳим ҳисобланган бир қатор белгилари қаторида бош поя баландлиги ҳам изланувчилар томонидан алоҳида урғу бериб ўрганилади.

Ғўза генотипларидан юқори ва сифатли ҳосил жамғаришда унинг хўжалик белгилари билан бир вақтнинг ўзида баъзи морфологик жиҳатлари, хусусан, бош

поя баландлиги кўрсаткичларини популяция фенотипида қай даражада намоён бўлишини мунтазам таҳлил қилиш муҳим аҳамият касб этади.

Ғўза ўсимлигининг бош поя баландлиги тўғрисида юритилган мулоҳазалардан келиб чиқиб, ушбу мақолада *G.hirsutum* L. генотипларидан ажратиб олинган Т-840 тизмасининг 2020-2022 йилларда парваришланган уч авлод популяцияларининг таҳлилдаги белгиси кўрсаткичларини ўрганиш мақсадида амалга оширилган илмий кузатувларнинг натижалари ёритилди. Олинган маълумотларга кўра, Т-840 тизмасининг 2020 йилда ўстирилган популяцияларининг фенотипида асосий поянинг ўсув нуқтаси бўйича умумий ўртача кўрсаткичлари 113,7 см.ни ташкил этган. 2021 йилда олиб борилган морфологик кузатувлардан маълум бўлишича, кўрсаткичларнинг ўтган тадқиқот йилига нисбатан 1,2 см.га кўтарилиб, 114,9 см.да акс этгани аниқланган бўлса, 2022 йилда популяция поясининг баландлиги белгиси яна 1,4 см.га пасайиб, 113,5 см.ни фенотипида намоён этгани маълум бўлган.

Белги кўрсаткичлари бўйича популяциянинг ўзгарувчанлик кўламида ҳам илмий кузатувлар олиб борилган уч авлод ўсимликларида йиллар бўйича кескин ўзгаришлар пайдо бўлмаган.

Т-840 тизмасининг уч авлод популяцияларида бош поя баландлиги кўрсаткичларининг 2020 йилга нисбатан 2021 йилда кичик фарқланиш билан кўтарилиб, 2022 йилда деярли яна шунча пасайгани ҳамда белги бўйича популяциянинг ўзгарувчанлик кўламини акс эттирувчи маълумотлар тадқиқ этилган ғўза шаклининг генотипида барқарорликнинг мавжудлигини англатади.

Шу ўринда таъкидлаш мумкинки, ўсимлик генотипларида морфологик белги кўрсаткичларининг текислиги ўз навбатида белгиларнинг намоён бўлишидаги ўзаро боғлиқлик ҳодисаси туфайли бошқа кўрсаткичларнинг ҳам текисланиши, яъни бир хиллашувига ижобий таъсир этади.

G. HIRSUTUM L. НИНГ Т-1336 ТИЗМАСИДА ТОЛА ЧИҚИМИ КЎРСАТКИЧЛАРИНИНГ НАМОЁН БЎЛИШИ

Абдурасулов Ф.Ш., Эргашев О.Р., Аликулов Э.О., Раҳимқулов Ё.И.

ЎзР ФА Генетика ва ўсимликлар экспериментал биологияси институти
Ўзбекистон, Тошкент вилояти, Қибрай тумани, Юқори-юз
e-mail: igebr_anruz@genetika.uz, www.genetika.uz

Ғўза ўсимлиги мамлакатимизнинг суғориладиган экин майдонларида энг кўп экиладиган техник ўсимликлардан бири бўлиб, ушбу экин турини ҳар томонлама пухта ўрганиб, тадқиқ қилишга соҳа мутахассислари алоҳида аҳамият қаратади.

Жаҳон пахтачилиги тизимининг тажрибасига кўра, тола чиқими юқори бўлган ғўза генотиплари бошқа белги кўрсаткичларига асосан бир-биридан ижобий фарқланувчи дурагайларга нисбатан қиёсланганда иқтисодий жиҳатдан энг самарадор эканлиги маълум. Чунки, мазкур ўсимлик турининг асосий фойдали хом-ашёси бу шубхасиз толадир.

ЎзР ФА Генетика ва ўсимликлар экспериментал биологияси институтининг Дўрмон илмий тажриба базасида олиб борилган тадқиқотда андоза сифатида олинган ўрта толали ғўзанинг Наманган-77 нави ва Т-1336 тизмасидаги тола чиқими кўрсаткичларининг 2022-йилда намоён бўлиши ўрганилди. Таҳлилдаги генотипларнинг тадқиқ этилаётган белги кўрсаткичларига асосан ўзаро қиёсий фарқланишини кўрсатувчи маълумотлар қуйида ёритилади.

Генотипларнинг ўрганилаётган кўрсаткичлари бўйича тадқиқот йилида андозага нисбатан Т-1336 тизмасида 0,28 % ли юқори кўрсаткичли фарқланишнинг юзага келганлиги аниқланган. Белги бўйича популяциянинг ўзгарувчанлик кўлами Т-1336 тизмасида андозага қиёслаганда 0,91 % га юқори кўрсаткичларнинг намоён бўлган.

Наманган-77 навининг тола чиқими кўрсаткичлари бўйича популяция таркибида 37.1-38.0 % ни намоён этувчи ўсимликларнинг гуруҳлари мутлоқ доминантликни акс эттирган. 2, 4, 5 ва 6 синфдаги ўсимликлар эса ушбу таркибнинг тузилишида доминант синфдан кейинги ўринларда тўлдирувчи вазифасини ўтаган бўлса, таҳлилдаги тизманинг тола чиқими кўрсаткичлари бўйича популяция таркибида 35.1-36.0 ва 38.1-39.0 % ни акс эттирувчи ўсимлик гуруҳлари доминантлик қилган. 1, 3 ва 4 синфдаги кўрсаткичларни намоён этган ўсимликларнинг гуруҳлари эса таркибнинг пайдо бўлишида доминант синфлардан кейинги ўринларни эгаллаган.

Юқорида ёритиб ўтилган маълумотлар таҳлилининг натижаларидан келиб чиққан ҳолда, шундай хулоса қилишимиз мумкинки, тадқиқ этилган ғўза тизмаси тола чиқими кўрсаткичлари бўйича ижобий аҳамият касб этувчи генотиплардан бири ҳисобланади. Мазкур тизмани келгусидаги генетик-селекцион тадқиқотларда синов ишларига жалб этиш тавсия этилади.

ДЕЙСТВИЕ РАЗЛИЧНЫХ ДОЗ ГАММА-ОБЛУЧЕНИЯ НА ВСХОЖЕСТЬ СЕМЯН ПШЕНИЦЫ

Абдулов И.А.[1], Сейтназарова Т.Е.[2]

[1]Национальный университет Узбекистана имени Мирзо Улугбека
Узбекистан, Ташкент г., Алмазорский район, ул. Университетская, 4
[2]НИИ генетических ресурсов растений
Узбекистан, Ташкентская область, Кибрайский район, ул. ВИР, 1
e-mail: *Ildar2605@yandex.com*

Мутагенез является одним из действенных методов расширения изменчивости исходного материала для селекции. Достаточно сказать, что на сегодня в мире высеваются более 2500 сортов мутантного происхождения, относящихся к 175 видам растений. В этой связи небезынтересно, что использование именно индуцированных мутантов, позволило произвести Зеленую революцию - увеличить урожай зерна риса и пшеницы в два раза.

Мы изучали всхожесть облученных семян твердой пшеницы *Triticum durum* сорта Олтин бугдой и мягкой пшеницы *T. aestivum* сорта Arezzo в лабораторных условиях. Облучению подвергали воздушно-сухие семена указанных сортов. Дозы облучения: 50; 100; 150; 200; 250 Грей. Мощность облучения 15р/сек. Контроль - не облученные семена. Число семян в каждом варианте опыта 100 штук. Облучение проводили на гамма-установке Института ядерной физики АН РУз. Источник облучения Co^{60}. Сразу после облучения семена высаживали в чашки Петри, на фильтровальную бумагу смоченную дистиллированной водой и устанавливали в термостат при 21^0C. Всхожесть семян определяли на 7ой день после посева.

РЕЗУЛЬТАТЫ. Всхожесть семян твердой пшеницы в контроле равнялась 93%, доза 50 Гр незначительно увеличивала данный показатель до 96%. Дальнейшее увеличение доз до 100 и 250 Гр снижало всхожесть до 74 и 10%, соответственно.

Всхожесть семян мягкой пшеницы в контроле равнялась 90%, доза 50 Гр, так же как и в варианте обработки данной дозой у твердой пшеницы несколько увеличивалась до 92%. В варианте облучения 100-250Гр - всхожесть снижалась до 83 и 17%, соответственно.

Резкое снижение всхожести у обоих сортов отмечено начиная с дозы 150Гр – у сорта Олтин бугдой 41%, а у сорта Arezzo 46%(табл).

По критерию всхожести семян сорт Олтин бугдой твердой пшеницы (28хромосом) к облучению оказался более чувствительным, чем сорт Arezzo мягкой пшеницы (42хромосомы).

Для изучения механизма стимуляции всхожести возникающее при облучении можно рекомендовать небольшие дозы 40-50Гр. Для использования гамма-лучей в качестве мутагенного фактора в литературе рекомендуется применение доз, при которых всхожесть падает до 50%. В нашем эксперименте это 150-200Гр.

ҒЎЗАНИНГ ЯНГИ ТИЗМАСИДА ТОЛА ЧИҚИМИ КЎРСАТКИЧЛАРИНИНГ ТАҲЛИЛЛАРИ

Азимов А.А., Эргашев О.Р., Абдурасулов Ф.Ш., Қаҳрамонов А.К.

ЎзР ФА Генетика ва ўсимликлар экспериментал биологияси институти
Ўзбекистон, Тошкент вилояти, Қибрай тумани, Юқори юз
e-mail: igebr_anruz@genetika.uz, www.genetika.uz

Мамлакатимиз қишлоқ хўжалиги тизимининг пахтачилик соҳасида иқтисодий самарадор, рақобатбардош, тола чиқими юқори ва сифати жаҳон пахта бозори талабларига тўла жавоб берадиган янги ғўза навларини яратиш бўйича кенг миқёсда тадқиқот ишлари олиб борилмоқда. Ҳозирда республикамизда ғўза экин майдонларини кенгайтирмасдан ҳосилдорликни ошириб бориш масаласи долзарблигича қолмоқда. Бугунги кунга келиб, дунё миқёсида етиштирилаётган пахта толасининг 90 % и маданий *G. hirsutum* L. турига тегишли. Ғўза селекциясида серҳосил, юқори чиқимли ва сифатли тола берувчи, шу билан бирга эртапишар навларни яратиш ва ишлаб чиқаришга кенг тадбиқ қилиш муҳим вазифалардан биридир.

Мавзу юзасидан таҳлил этилган манбааларда ҳам тола чиқимини тадқиқ этишга алоҳида аҳамият қаратилган.

Тадқиқотларимизда ғўзанинг Наманган-77 нави ва Т-1336 тизмасидаги тола чиқими белгисининг 2020 йилдаги кўрсаткичларини таҳлил қилдик. Тадқиқ этилаётган ғўза намуналарининг тола чиқими белгисининг умумий кўрсаткичларига кўра бир-биридан қиёсий фарқланишини акс еттирувчи маълумотларга кўра, генотипларнинг тола чиқими кўрсаткичларида 0,9 яъни деярли 1 % га яқин фарқланиш кузатилган.

Таҳлилдаги белги бўйича популяциянинг ўзгарувчанлик кўламида ҳам генотиплар ўртасида кичик кўрсаткичларда фарқланиш намоён бўлган.

Олинган маълумотларга кўра, Т-1336 тизмасининг таҳлилдаги белги бўйича популяция таркибида 39.1-40.0 ва 40.1-41.0 % ли тола чиқимига эга бўлган ўсимлик гуруҳларининг мавжудлиги, агар келгусида ушбу тизма устида бошқа белгиларни пасайтириб юбормаган ҳолда, айнан тола чиқимини кўтариш мақсадида генетик-селекцион ишлари давом эттириладиган бўлса, ушбу белгини тизма генотипида янада юқори кўрсаткичларда шакллантириш имкони мавжудлигини англатади.

Юқоридагилардан келиб чиқиб, шундай хулоса қилишимиз мумкинки, мақолада таҳлил қилинган ғўза тизмаси тола чиқими кўрсаткичлари бўйича ижобий аҳамиятли бўлган генотиплардан биридир. Ушбу тизмани келгусидаги генетик-селекцион тадқиқотларга кенг жалб этишга тавсия этамиз.

БИР КЎСАКДАГИ ПАХТА ВАЗНИ БЕЛГИСИ ВА ЎЗГАРУВЧАНЛИК КЎЛАМИНИ *G. HIRSUTUM* L. ГЕНОТИПЛАРИДА НАМОЁН БЎЛИШИ

Азимов А.А.[1], Эргашев О.Р.[1], Холлиев Ғ.Ч.[2], Зарликов А.Ш.[3]

[1]ЎзР ФА Генетика ва ўсимликлар экспериментал биологияси институти
Ўзбекистон, Тошкент вилояти, Қибрай тумани, Юқори юз
[2]ЎзР ҚХВ Ўсимликлар генетик русурслари илмий тадқиқот институти
Ўзбекистон, Тошкент вилояти, Қибрай тумани, ВИР кўчаси, 1
[3]ЎзР ҚХВ Тошкент Давлат Аграр Университети.Ўзбекистон,
Ўзбекистон,Тошкент в., Қибрай т., Салар қ., Университет кўчаси, 2
e-mail: igebr_anruz@genetika.uz

Ғўзанинг селекцион ашёларидаги хўжалик учун муҳим ҳисобланган белги кўрсаткичларидан бири бўлган бир дона кўсакдаги пахта оғирлигини ўрганишга генетик-селекцион йўналишдаги изланишларда алоҳида урғу берилади. Чунки, ишлаб чиқариш тизимига тадбиқ этилган ғўза генотипларининг ҳосилдорлик имкониятларини олдиндан тахмин қилиш мумкин бўлади.

Юқорида келтириб ўтилган мулоҳазаларга монанд равишда мазкур мақолада ҳам ўрта толали ғўзанинг нав ва тизмаларига мансуб бўлган уч авлод

популяцияларининг ўсимликларидан 2020-2022 йилларда териб олинган пахта ҳосилининг бир дона кўсак вазни кўрсаткичлари таққомий таҳлил қилинди.

Маълум бўлишича, ушбу тадқиқот йилларида умумий ўртача кўрсаткичлар бўйича юқоридан пастга томон кетма-кетликни Бухоро-102, Т-1278, Т-1391, Меҳнат, Т-41, Т-19, Т-8588, Т-1326, Т-1477, С-8290, Келажак, Юлдуз, Хоразм-127, Султон, АН-Боёвут-2, ЎзФА-707, Т-1336, Т-1777, ЎзФА-710, С-6524, Т-1470 ва Наманган-77 каби шакллари намоён этган.

Белги кўрсаткичлари бўйича популяциянинг ўзгарувчанлик кўлами 2020 йилда Т-19, Т-1777 ва Юлдуз каби шаклларда энг юқори, андоза Наманган-77 навида эса паст, 2021 йилда Т-1470, Т-1477 ва Т-8588 тизмаларида юқори, ЎзФА-710 ва Наманган-77 сингари шаклларда энг паст маълумотлар аниқланган бўлса, 2022 йилда ўстирилган популяцияларда С-6524 нави, Т-1326 ва Т-1278 тизмаларида юқори, Т-19 тизмаси ва андоза навида паст ҳолатнинг мавжудлиги аниқланган.

2021 йилги тадқиқотларда ўзгарувчанлик кўламининг андозага нисбатан баланд кўрсаткичлар билан фарқланган нав ва тизмаларнинг маълумотлари юқоридан пастга томон қуйидаги кетма-кетликда Т-1470, Т-1477, Т-8588, Т-1777, Хоразм-127, Бухоро-102, Келажак, Т-1278, Т-1391, Т-41, Т-1326, Т-1336 ва АН-Боёвут-2 сингари генотипларида аниқланди. Таҳлил этилган ғўза шаклларидан фақат ЎзФА-710 навида андозага нисбатан паст кўрсаткичлар кузатилган.

2022 йилда парваришланган популяциялар бўйича ўзгарувчанлик кўлами С-6524, Т-1326, Т-1278, Т-1391, Меҳнат, Султон, Юлдуз, Т-1477, Т-1336, Т-1777, С-8290, Т-1470 ва ЎзФА-707 каби ашёларда андоза ва бошқа шаклларга қиёслаганда юқори маълумотларнинг пайдо бўлганлиги аниқланган.

G. HIRSUTUM L. НИНГ АЙРИМ БЕЛГИЛАРИ КЎРСАТКИЧЛАРИНИ ПОПУЛЯЦИЯЛАР ФЕНОТИПИДА ФАРҚЛАНИШИ

Аликулов Э.О.[1], Эргашев О.Р.[1], Холлиев Ғ.Ч.[2], Зарликов А.Ш.[3]

[1]ЎзР ФА Генетика ва ўсимликлар экспериментал биологияси институти
Ўзбекистон, Тошкент вилояти, Қибрай тумани, Юқори юз
[2]ЎзР ҚХВ Ўсимликлар генетик русурслари илмий тадқиқот институти
Ўзбекистон, Тошкент вилояти, Қибрай тумани, ВИР кўчаси, 1
[3]ЎзР ҚХВ Тошкент Давлат Аграр Университети.Ўзбекистон,
Ўзбекистон,Тошкент в., Қибрай т., Салар қ., Университет кўчаси, 2
e-mail: igebr_anruz@genetika.uz

Ўрта толали ғўза генотипларида ҳосилдорлик, ниҳоллардаги умумий кўсаклар сони кўрсаткичлари қанчалик даражада юқори бўлиши аҳамиятли бўлса, ўша ҳосилнинг кеч куз пайтларида намоён бўладиган совуқ ҳамда ёғин-сочинларнинг бошланиши даврларига қолмасдан очиладиган қисмининг фоизи унданда муҳим аҳамият касб этади. Шу боисдан ҳам кейинги бир неча ўн йиллардан буён ғўзанинг нав ва тизмаларида ҳосилдорлик, сифат ҳамда эртапишарлик каби жиҳатларни бир генотипга жамлаш мақсадида кўплаб илмий изланишлар олиб борилмоқда. Аммо шу билан бир қаторда ушбу йўлда кўплаб қийинчиликларни пайдо қиладиган табиий қонуният ҳам борки, бу – ҳар қандай ўсимлик тури сингари ғўзада ҳам эртапишарлик хусусиятининг ошгани сайин ҳосилдорлик ва сифат кўрсаткичларининг пасайиб бориши кузатилади. Тадқиқотчиларнинг асосий мақсад ва вазифалари ҳам эса айнан шу табиий қонуниятни бузган ҳолда бир-бирига тескари боғланишга эга бўлган белгиларнинг кўрсаткичларини яқинлаштириш ва битта генотипга жамлаш ҳисобланади.

Тадқиқотларимиздан олинган маълумотларга кўра, 2021 йилда ўрганилган ўсимликларнинг умумий кўсаклари сони ЎзФА-710 ва Т-1336 тизмасида андоза Наманган-77 ҳамда таҳлилдаги бошқа шаклларга нисбатан ижобий, бошқа генотипларнинг барчасида андозага таққослаганда паст маълумотларни акс

эттирган.

Популяциянинг ўзгарувчанлик кўлами кўрсаткичлари умумий кўсаклар сони белгиси бўйича юқоридан пастга томон кетма-кетликда Т-1326, Меҳнат, С-8290, Т-1470, С-6524, Хоразм-127, Келажак, Т-1777, Бухоро-102, Юлдуз, Наманган-77, Т-19, ЎзФА-707, Т-1278, Султон, АН-Боёвут-2, Т-1336, Т-1391, Т-8588, Т-41, ЎзФА-710 ва Т-1477 каби шаклларида намоён бўлган.

Таҳлилдаги генотипларнинг 10 сентябр ҳолатига кўра очилган кўсаклари сони бўйича ижобийдан салбийга томон кетма-кетликни С-8290, Юлдуз, Келажак, Т-1336, Т-41, Т-19, Т-1391, Т-1278, Т-8588, АН-Боёвут-2,ЎзФА-707, С-6524, Т-1777, Т-1477, Т-1326, Меҳнат, Султон, Т-1470, ЎзФА-710, Наманган-77, Хоразм-127 ҳамда Бухоро-102 каби нав ва тизмалар акс эттирган.

Тадқиқ этилаётган ғўза генотипларининг таҳлилдаги кўрсаткичлари бўйича популяциянинг ўзгарувчанлик кўлами ЎзФА-710, Юлдуз, Т-1477, ЎзФА-707, Т-1326, Т-8588, Т-1336, Т-1391, Т-19, Хоразм-127, Т-1278, АН-Боёвут-2, Т-1777, Т-1470, Т-41 каби шаклларда андозага нисбатан юқори, Бухоро-102, Султон, Келажак, Меҳнат, С-8290 ва С-6524 навларида эса паст ҳолатда намоён бўлгани аниқланди.

Юқорида келтирилган таҳлилий маълумотлардан келиб чиққан ҳолда таъкидлаш мумкинки, ушбу тадқиқот йилида ЎзФА-710, Т-1336 ҳамда Наманган-77 сингари генотиплар умумий ҳосилдорлик, С-8290, Юлдуз ва Келажак навлари эса эртапишарлик жиҳатларига кўра бошқа намуналарга нисбатан устунликни популяция фенотипида намоён этган.

ОЦЕНКА СОЛЕУСТОЙЧИВОСТИ ХЛОПЧАТНИКА МЕТОДОМ КЛАСТЕРНОГО АНАЛИЗА

Азимов А.А., Усманов Д.Э., Абдукаримов Ш.С., Буриев З.Т.

Центр геномики и биоинформатики АН РУз
Узбекистан, Ташкентская область, Кибрайский район, ул. Университетская, 2
e-mail: googlazimov@gmail.com

Высокая концентрация солей в почве влияет на темпы развития и обуславливает задержки ростовых процессов хлопчатника, а это в свою очередь значительно влияет и на прирост листовой поверхности, который под действием солей резко сокращается с последствием нарушения фотосинтеза.

Удельная поверхностная плотность листа (УППЛ) является интегральным показателем содержания структурных и функциональных элементов мезоструктуры листа. В активизации процесса фотосинтеза растений с последующим повышением продуктивности общеизвестно особая роль общей листовой поверхности растений.

Ученые Центра геномики и биоинформатики АН РУз в последние годы занимаются поиском отбора солеустойчивых линии и сортов хлопчатника методами молекулярной биологии и генетики с последующим определением генов регулирующих стрессовых факторов, в том числе и солеустойчивость.

Материалом для исследования служила группа данных, содержащая следующих показателей: сумма сульфатных и хлоридных солей на 100 г. почве *Salt_100*, поверхностная плотность *SurfaseDensity* и общая площадь листовой пластинки куста *LeafSurface*, и сухая масса листа хлопчатника *SubstantContent*, полученная из источника.

Метод кластерного анализа на сегодняшний день является одним из наиболее перспективных методов многомерной статистики, уже нашедшим широкое применение во многих отраслях науки и техники.

Для объективной оценки и определения степени солеустойчивости образцы представленной группы хлопчатника методом кластерного анализа нами были

использованы два метода кластерного анализа: иерархический агломеративный (tree clustering) кластерный анализ и итеративный метод *k* -средних (k-means clustering), реализованные в модуле Hierarchical Claster Analysis статистического пакета IBM Statistica SPSS 21 for Windows.

При кластеризации обоими методами квадрат Евклидова метрика – наиболее часто используемая мера сходства. Если объект описывается двумя параметрами, то он может быть изображен точкой на плоскости и в данном случае выполняется операция возведения в квадрат расстояния по каждой координате и полученные результаты суммируется.

$$D_i\,(x, y) = \sum (x_i - y_i)^2$$

где *Di (x, y)* – квадрат Евклидова расстояния между точками x_i и y_i; $i = 1 \ldots n$;

Метод *k*-средних разобьет все объекты на заданное количество кластеров, которые будут максимально различаться между собой.

После завершении итераций формировалась выходная таблица, в которой указаны образованные 3 кластера с количеством наблюдений в каждом, общее количество наблюдений и пропущенные значения.

Все три группы различались с уровнем значимости $P < 0{,}05$ по всем показателям, кроме показателя *Salt_100*, у которого $P = 0{,}85$. Таким образом, образованные три кластера, соответствуют трем группам, характеризующих степеней солеустойчивости хлопчатника: Устойчивые, Среднеустойчивые и Слабоустойчивые.

Результаты расчетов показали отличие Устойчивой группы от двух других групп по изменениям стандартных средних показателей почвы и хлопчатника. Здесь среднеустойчивая и слабоустойчивая группы по показателю *Salt_100* не слишком отличались, а по показателю *LeafSurface* отличие групп довольно ощутимое. Отличие групп по показателям *SurfaseDensity* и *SubstantContent* оказалось среднее и выше среднего соответственно.

ОПРЕДЕЛЕНИЕ ВЛИЯНИЯ ЗАСОЛЕНИЯ НА ПАРАМЕТРЫ ПРОРАСТАНИЯ СЕМЯН

Камбурова В.С., Имамходжаева А.С., Салахутдинов И.Б., Раджабов Ф.С., Маматкулова Ш.Х., Исомиддинова О.Л.

Центр Геномики и биоинформатики АН Руз
Узбекистан, Ташкентская область, Кибрайский район, ул. Университетская, 2
e-mail: *venera.k75@gmail.com*

Влияние засоления на хлопчатник проявляются в виде разнообразных морфофизиологических и биохимических изменений, снижающих урожайность и качество волокна хлопчатника. При этом они отрицательно влияют как на морфологические (прорастание семян, высота и архитектура растений, длина и площадь корневой системы, площадь листьев, биомасса побегов и корней, развитие коробочек), так и на физиологические параметры (содержание хлорофилла, эффективность фотосинтеза, скорость транспирации, устьичная проводимость). В связи с этим было исследовано влиние засоления на прорастание семян различных сортов хлопчатника в модельных условиях.

Объектом исследования были различные сорта и линии средневолокнистого хлопчатника. Для достижения цели исследований эксперименты проводили на растениях, выращенных в модельных (фитотрон) условиях. Для моделирования солевого стресса растения опытной группы в течение 21 дня обрабатывали раствором соли (NaCl) в концентрациях 50, 100, 150 и 200 мМ. Параметры всхожести определяли по методике, предложенной Munavar et al. (2021).

При определении всхожести семян различных сортов и линий хлопчатника при воздействии различных концентраций NaCl было показано, что солевой стресс ингибировал прорастание семян у большинства генотипов. При этом у биотехнологических сортов хлопчатника серии Порлок процент всхожести семян подавлялся незначительно вплоть до 100 мМ NaCl, однако при увеличении концентрации NaCl до 200 мМ всхожесть семян резко уменьшалась. У сортов

классической селекции (АН-Баёвут-2, Ташкент-6 и Наманган-77) всхожесть семян падала уже при концентрации NaCl 50 мМ и резко уменьшалась, начиная со 150 мМ NaCl, достигая минимума при 200 мМ. У контрольной линии хлопчатника Кокер-312 всхожесть семян в условиях модельного солевого стресса была минимальной, практически линейно снижаясь на всем диапазоне концентраций NaCl.

Определение среднего времени прорастания (СВП) показало, что под воздействием различных концентраций NaCl наблюдалось увеличение данного параметра: у сорта Порлок-4 это снижение СВП было наименьшим, в то время как у линии Кокер-312 – максимальной. Остальные сорта занимали промежуточное положение. При этом у сорта Порлок-4 время прорастания семян увеличивалось с 4,5 ± 0,13 дней при концентрации NaCl, равной 0 мМ, до 6,1 ± 0,22 дней при 200 мМ NaCl. Аналогичные показатели у линии Кокер-312 составили 6 ± 2,5 дней и 9,1 ± 3,1 дней, соответственно.

При расчете индекса всхожести (ИВ) было выявлено, что у всех исследованных сортов данный параметр всхожести уменьшался с ростом концентрации NaCl. Максимальное снижение ИВ зафиксировано у Кокер-312 (с 3 ± 0,2 до 0,6 ± 0,08), а минимальное – у Порлок-4 (с 5,8 ± 0,32 до 2,9 ± 0,18).

Кроме того, энергия прорастания семян (ЭП) сильно замедлялась из-за солевого стресса у всех генотипов. Максимальное снижение ЭП было зафиксировано у Кокер-312 (на 51%), а минимальное – у Порлок-4 (на 19%).

Анализ полученных результатов показал, что наиболее устойчивым к воздействию засоления был сорт хлопчатника Порлок-4, а наименее устойчивым – линия Кокер-312, что хорошо согласуется с имеющимися литературными данными. В связи с этим, в дальнейших исследованиях использовались сорт хлопчатника Порлок-4 в качестве устойчивого сорта и линия Кокер-312 в качестве чувствительной линии, как наиболее контрастные.

ВЛИЯНИЕ МОДЕЛЬНОГО СОЛЕВОГО СТРЕССА НА МОРФОЛОГИЧЕСКИЕ ПАРАМЕТРЫ ХЛОПЧАТНИКА

Исомиддинова О.Л., Камбурова В.С., Имамходжаева А.С.,
Салахутдинов И.Б., Раджабов Ф.С., Маматкулова Ш.Х.

Центр Геномики и биоинформатики АН Руз
Узбекистан, Ташкентская область, Кибрайский район, ул. Университетская, 2
e-mail: *venera.k75@gmail.com*

Засоление почв может приводить к различным физиологическим и биохимическим изменениям в растительных клетках, вызывая многочисленные изменения в их структуре и функциях. В связи с этим на следующем этапе было исследовано влияние модельного солевого стресса на морфологические параметры проростков хлопчатника двух контрастных сортов: Порлок-4 (устойчивый) и Кокер-312 (чувствительный).

Объектом исследования были различные сорта и линии средневолокнистого хлопчатника. Для достижения цели исследований эксперименты проводили на растениях, выращенных в модельных (фитотрон) условиях. Для моделирования солевого стресса растения опытной группы в течение 21 дня обрабатывали раствором соли (NaCl) в концентрациях 50, 100, 150 и 200 мМ. Для определения морфологических параметров растения каждого генотипа тщательно промывали дистиллированной водой, а затем измеряли длину главного корня и побега в сантиметрах. Для определения сухой массы листья и корни выдерживали в сушильном шкафу при температуре 70 °C в течение 48 ч, после чего проводили взвешивание при помощи прецизионных весов.

При определении длины осевых органов растения было обнаружено, что у обоих генотипов повышение концентрации соли приводило к уменьшению длины как главного корня, так и побега. При этом у солечувствительной линии Кокер-312 подавление роста корней и побегов было более выражено, чем у

солеустойчивого сорта Порлок-4. Так, рост корней у сорта Порлок-4 при воздействии 100 мМ NaCl подавлялся на 28,6 %, а у линии Кокер-312 – на 56,9%. Одновременно длина побега у сорта Порлок-4 уменьшалась на 45%, а у линии Кокер-312 – на 58,4 %. При этом ингибирование роста корня по длине, площади поверхности, объему и среднему диаметру можно объяснить ингибированием митоза, снижением синтеза компонентов клеточной стенки, повреждением аппарата Гольджи и изменениями в метаболизме полисахаридов под воздействием повышенных концентраций соли.

Увеличение концентрации NaCl до 100 мМ замедляло рост листьев и корней у обоих генотипов. Однако процентное снижение сухой массы листьев и корней из-за засоления по сравнению с контролем было ниже у сорта Порлок-4 по сравнению с Кокер-312, что указывает на то, что Порлок-4 является более солеустойчивым сортом. Так, у сорта Порлок-4 сухая масса листьев и корней снижалась на 14,9 % и 22,4 %, а у линии Кокер-312 – на 55 % и 59,5 %, соответственно. Это замедление роста может быть связано с осмотическим повреждением или специфической ионной токсичностью, вызванной поглощением соли. Угнетение процесса дыхания является основной причиной замедления роста во время стресса, вызванного соленостью. Меньшее снижение количества фотосинтетической ткани листа во время солевой адаптации позволяет поддерживать синтез энергии, которую затем можно перенаправить на поддержание процесса роста листьев. Таким образом, более значительное снижение сухой массы листьев чувствительной к соли линии Кокер-312 указывает на то, что в условиях засоления данная линия не способна синтезировать достаточное количество энергии, необходимой для роста и развития клеток, по сравнению с более солеустойчивым сортом Порлок-4. Полученные результаты хорошо согласуются с имеющимися литературными данными о влиянии засоления на морфологические параметры хлопчатника.

БОШ ПОЯ БАЛАНДЛИГИ КЎРСАТКИЧЛАРИНИНГ *G. HIRSUTUM* L. ДА НАМОЁН БЎЛИШИ

Каримов Э.Ё.[1], Эргашев О.Р.[1], Раҳмонов С.Д.[1], Холлиев Ғ.Ч.[2]

[1]ЎзР ФА Генетика ва ўсимликлар экспериментал биологияси институти
Ўзбекистон, Тошкент вилояти, Қибрай тумани, Юқори-юз
[2]ЎзР ҚХВ Ўсимликлар генетик ресурслари илмий тадқиқот институти
Ўзбекистон, Тошкент вилояти, Қибрай тумани, ВИР кўчаси, 1
e-mail: igebr_anruz@genetika.uz, www.genetika.uz

Қишлоқ хўжалиги ишлаб чиқариши тизими учун аҳамиятли ҳисобланган барча ўсимликлар қаторида ғўзанинг ҳам бош поя баландлиги тадқиқотчилар томонидан алоҳида урғу бериб ўрганиладиган жиҳатлардан биридир.

Ушбу ўсимликнинг мазкур белгиси кўрсаткичлари агар генотипларнинг ўзига хос бўлган жиҳатлари даражасида фенотипда намоён бўлса, у ҳолда кўрсаткичлар ҳосилдорликнинг паст ёки юқори бўлишига катта даражада таъсир кўрсатмайди. Агар бош поя генотип хусусиятидан четга чиққан ҳолда намоён бўлаётган бўлса, бу ҳолат ҳосилдорлик ва сифат кўрсаткичларининг пасайишига олиб келади. Шу ўринда таъкидлаб ўтиш ўринлики, ғўза генотипларининг бош поя баландлиги белгиси қандай даражада шаклланганлигининг ҳосилдорлик кўрсаткичларига салбий ёки ижобий таъсири катта эмас. Масалан, ЎзФА-703, ЎзФА-705, ЎзФА-707, ЎзФА-710 ва ЎзФА-713 каби бир қатор навларнинг поя узунлиги 110-120 см ҳолатда шакллантирилган бўлиб, ушбу навларнинг таҳлил этилаётган кўрсаткичлари фақат шу маълумотларни акс эттирган тақдирдагина нав тавсифидаги ҳосилдорликни намоён этади. Келажак навининг бош пояси эса 75-80 см кўрсаткичларда шаклланган бўлиб, агар навнинг ушбу кўрсаткичлари 90-95 см.дан ортадиган бўлса, бу ҳолат нав популяциясининг ғовлашини англатади. Шундан келиб чиқиб фикр билдирадиган бўлсак, бош поя баландлигини генотипларнинг барча авлодлари давомида поя баландлигини назорат қилиб бориш муҳим тадбирлардан бири эканлигини билдиради.

Келтириб ўтилган фикр ва мулоҳазаларга мувофиқ равишда ушбу мақолада Т-826 тизмасининг 2020-2022 йилларда парваришланган уч авлод популяцияларида бош поя баландлигини тадқиқ қилиш мақсадида олиб борилган изланишлардан олинган маълумотларнинг таҳлили келтирилади.

Маълум бўлишича, таҳлилдаги тизманинг бош поя баландлиги 2020 йилда 112,5 см.ни ташкил этган. Ушбу кўрсаткичлар 2021 йилда 2020 йилдагидек деярли бир хил кўрсаткичларни акс эттириб, 2022 йилда 1,70 см атрофидаги юқори кўрсаткичлар билан фарқланган. Агар бош поянинг ўсиши чегараларини уч авлод давомида тебранишини 2 см атрофида эканлигини тасаввур қиладиган бўлсак, ушбу тизма генотипида таҳлил этилган белги бўйича барқарорликка эришилган экан дейишимиз мумкин бўлади.

ЎРТА ТОЛАЛИ ҒЎЗАНИНГ Т-826 ТИЗМАСИ ФЕНОТИПИДА КЎСАКЛАРНИНГ НАМОЁН БЎЛИШИ

Аликулов Э.О.[1], Эргашев О.Р.[1], Раҳмонов С.Д.[1], Холлиев Ғ.Ч.[2]

[1]ЎзР ФА Генетика ва ўсимликлар экспериментал биологияси институти
Ўзбекистон, Тошкент вилояти, Қибрай тумани, Юқори-юз
[2]ЎзР ҚХВ Ўсимликлар генетик ресурслари илмий тадқиқот институти
Ўзбекистон, Тошкент вилояти, Қибрай тумани, ВИР кўчаси, 1
e-mail: igebr_anruz@genetika.uz, www.genetika.uz

Жаҳон мамлакатларининг ғўза селекцияси соҳасида ушбу экин турининг генотипларида ҳосилдорлик кўрсаткичларига муҳим эътибор берилади. Ўсимликнинг умумий кўсаклар сони кўрсаткичлари умумий даромад манбаи бўлган ҳосилнинг қай даражада фенотипда намоён бўлишини билдиради. Шундан келиб чиққан ҳолда, мавзу юзасидан таҳлил қилинган илмий манбааларда ғўза дурагайларининг ушбу жиҳати кўрсаткичларини фенотипда намоён бўлиши, дурагайларда ирсийланиши, ўзгарувчанлиги, шаклланиб бориши ва барқарорлауви жараёнларига тадқиқотчилар томонидан алоҳида аҳамият берилади.

Мавзуга кўра амалга оширилаётган тадқиқот ишида ҳам *G.hirsutum* L. га мансуб тизмаси фенотипида умумий кўсаклари сони кўрсаткичларини ўрганиш мақсад қилинди.

2020 йилда тажриба даласидан олинган маълумотларга кўра, таҳлил этилган шаклларнинг умумий кўсаклари сони бўйича андоза Наманган-77 навига нисбатан Т-826 тизмасида эса 0,50 ва Т-840 тизмасида 0,11 дона кўрскаткичларнинг намоён бўлганлиги аниқланган. Ушбу ҳолат шуни англатадики, тадқиқ этилаётган ҳар иккала генотипларда ҳам андоза навига қиёслаганда кескин фарқланувчи кўрсаткичлар кузатилмаган. 2021 йилда Т-826 тизмасида андозага таққослаганда 0,33 ҳамда Т-840 тизмасида 0,20 дона кўрсаткичлар билан ижобий фарқланиш кузатилган. 2022 йилда Т-826 тизмасининг таҳлилдаги кўрсаткичлари андоза билан солиштирганда 1,30 дона, Т-840 тизмасида эса 0,49 дона ижобий тусланувчи маълумотлар қайд этилган.

Юқорида келтирилган таҳлиллардан келиб чиқиб, шундай хулоса қилишимиз мумкинки, мақолада таҳлил этилган ҳар иккала тизмада ҳам умумий кўсаклар сони бўйича тадқиқотнинг сўнги икки йилида ижобий фарқланишни намоён этиб, ҳосилдор генотиплар сифатида намоён бўлган экан.

Т-826 ТИЗМАСИНИНГ УЧ АВЛОД ПОПУЛЯЦИЯЛАРИ ФЕНОТИПИДА БОШ ПОЯ БАЛАНДЛИГИ КЎРСАТКИЧЛАРИНИНГ НАМОЁН БЎЛИШИ

Каримов Э.Ё., Эргашев О.Р., Қаҳрамонов А.К., Раҳмонов С.Д., Холлиев Ғ.Ч.

ЎзР ФА Генетика ва ўсимликлар экспериментал биологияси институти
Ўзбекистон, Тошкент вилояти, Қибрай тумани, Юқори-юз
e-mail: igebr_anruz@genetika.uz

Ғўза ўсимлигининг бош поя баландлиги сингари муҳим морфологик белгилари бўйича умумий ўртача кўрсаткичларининг фенотипда намоён бўлишида ташқи муҳит омиллари ва генотипнинг ўзаро таъсирини ўрганишга тадқиқотларда алоҳида аҳамият қаратилади.

Популяцияларда полиморфизм (серқирралилик) дурагайларнинг юқори даражадаги гетерогенлик ва гетерозиготалик ҳолати уларни популяцион таркибининг ҳаракатчанлигини таъминлайди ҳамда якка танлаш услубини самарадорлигини оширади. Ўсимликларнинг барча сифат ва миқдорий белгилари кўп сонли асосий ва модификатор генлар билан тартибланиши илмий манбаалардан маълум.

Ушбу ўсимликнинг мазкур белгиси кўрсаткичлари агар генотипларнинг ўзига хос бўлган жиҳатлари даражасида фенотипда намоён бўлса, у ҳолда кўрсаткичлар ҳосилдорликнинг паст ёки юқори бўлишига катта даражада таъсир кўрсатмайди. Агар бош поя генотип хусусиятидан четга чиққан ҳолда намоён бўлаётган бўлса, бу ҳолат ҳосилдорлик ва сифат кўрсаткичларининг пасайишига олиб келади. Шу ўринда таъкидлаб ўтиш ўринлики, ғўза генотипларининг бош поя баландлиги белгиси қандай даражада шаклланганлигининг ҳосилдорлик кўрсаткичларига салбий ёки ижобий таъсири катта эмас. Масалан, ЎзФА-703, ЎзФА-705, ЎзФА-707, ЎзФА-710 ва ЎзФА-713 каби бир қатор навларнинг поя узунлиги 110-120 см ҳолатда шакллантирилган бўлиб, ушбу навларнинг таҳлил этилаётган кўрсаткичлари фақат шу маълумотларни акс эттирган тақдирдагина нав тавсифидаги ҳосилдорликни намоён этади. Келажак навининг бош пояси эса 75-80 см кўрсаткичларда шаклланган бўлиб, агар навнинг ушбу кўрсаткичлари 90-95 см.дан ортадиган бўлса, бу ҳолат нав популяциясининг ғовлашини англатади. Шундан келиб чиқиб фикр билдирадиган бўлсак, ҳар бир ғўза генотипларининг бош поя баландлиги кўрсаткичларини йиллар давомида парваришланадиган барча авлодлари давомида назорат қилиб бориш муҳим тадбирлардан бири ҳисобланади.

Келтириб ўтилган фикр ва мулоҳазаларга мувофиқ равишда ушбу мақолада ўрта толали ғўзанинг янги Т-826 тизмасининг 2020-2022 йилларда парваришланган уч авлод популяциялари фенотипида бош поя баландлиги

кўрсаткичларининг намоён бўлишини тадқиқ қилиш мақсадида олиб борилган изланишлардан олинган маълумотларнинг таҳлили келтирилади.

Маълум бўлишича, таҳлилдаги тизманинг 2020 йилда парваришланган популяциялари фенотипида бош поя баландлиги 112,5 см.ни ташкил этган. Ушбу кўрсаткичлар 2021 йилда тадқиқотнинг биринчи йилда олинган маълумотлар билан деярли бир хил бўлиб, 2022 йилда ўтган йилларга нисбатан 1,70 см атрофидаги юқори кўрсаткичлар билан фарқланган. Агар бош поянинг ўсиши чегараларини уч авлод давомида тебранишини 2 см атрофида эканлигини тасаввур қиладиган бўлсак, ушбу тизма генотипида таҳлил этилган белги бўйича барқарорликка эришилган экан дейишимиз мумкин бўлади.

ҒЎЗАНИНГ “РАВНАҚ-2” НАВИДА ТОЛА ЧИҚИМИ БЕЛГИСИКЎРСАТКИЧЛАРИ БЎЙИЧА УЧ ЙИЛЛИК ТАҲЛИЛИЙ НАТИЖАЛАРИ

Маманазаров Ш.И., Мухаммадов Й.А., Кушаков Ш.О.,
Хўжамбердиева Ш.М., Мухаммадалиев Р.И.

ЎзР ФА Геномика ва биоинформатика маркази
Ўзбекистон, Тошкент вилояти, Қибрай тумани, Университет кўчаси, 2
e-mail: *Mamanazarovsharofiddin62@gmail.com*

Маълумки, ғўза асосан толаси учун етиштирилади ва яратилажак ғўза навларида тола чиқими юқори бўлиши муҳим ҳисобланади. Тола чиқимини ўрганиш борасида кўплаб изланишлар олиб борилиши натижасида яқин бир неча йилда ғўза навларининг тола чиқими 2-3 фоизга ошганлигини кузатиш мумкин. Тола чиқими, ғўза ўсимлигида асосий қимматли хўжалик белгиси бўлиши билан бирга, маҳсулдорликнинг асосий таркибий қисмларидан ҳисобланади. Ҳозирги кунда дунё аҳолисининг кескин ошиши фонида, тўқимачилик саноати учун тола муҳим аҳамиятга. Ана шу талаб ва эҳтиёжларга жавоб бера оладиган, тўқимачилик талабларига мос келадиган, тола чиқими юқори бўлган навлардан бири, бу- Равнақ-2 нави. Ушбу нав замонавий технология яъни, МАС

(Маркерларга асосланган селекция) усулида яратилган истиқболли бўлган навлардан бири.

Тадқиқотларимиз давомида мазкур нав тола чиқимининг уч йиллик кўрсаткичлари таҳлил қилинди. Таҳлил қилинаётган белги кўрсаткичлариини синфларга бўлиб ўрганилганда йиллар бўйича қуйидаги кўриниш кузатилди; 2020 йилда энг паст кўрсаткич 36,5 фоиз тола чиқимга эга синф 4,2 % ни, энг юқори тола чиқим, яъни, 40,5 фоизга эга бўлган синф 2,5 % ни ташкил қилди. Қолган тола чиқимли кўрсаткичларда, жумладан, 37,0 фоиз синфда 5,9 % ни; 37,5 фоиз синфда 13,4 % ни; 38,0 фоиз синфда 21,8 % ни; 38,5 фоиз синфда 19,3 % ни; 39,0 фоиз синфда 16,8 % ни; 39,5 фоиз синфда 10,1 % ни, 40,0 фоиз синфда 5,9 % ни, 40,5 фоиз синфда 2,5 % ни ташкил этди. Ушбу маълумотлардан кўриниб турибдики, энг кўп тола чиқимга эга бўлган синфлар 38,0 фоиз ва 38,5 фоиз бўлганлари ташкил қилди. 2021 йилда энг паст кўрсаткич 36,5 фоиз тола чиқимига эга синф 1,1 % ни, энг юқори тола чиқим, яъни, 41,0 фоизга эга бўлган синф 4,5 % ни ташкил қилди. Қолган тола чиқимли кўрсаткичларда, жумладан, 37,0 фоиз синфда 5,7 % ни; 37,5 фоиз синфда 10,2 % ни; 38,0 фоиз синфда 11,4 % ни; 38,5 фоиз синфда 14,8 % ни; 39,0 фоиз синфда 18,2 % ни; 39,5 фоиз синфда 12,5 % ни, 40,0 фоиз синфда 10,2 % ни, 40,5 фоиз синфда 9,1 % ни, 41,0 фоиз синфда 4,5 % ни, 41,5 фоиз синфда 2,3 % ни ташкил этди. 2021 йилда энг кўп тола чиқимга эга синфлар 39,0 фоиз ва 38,5 фоиз бўлганлари ташкил қилди. 2022 йилда энг паст кўрсаткич 36,5 фоиз тола чиқимига эга синф 0,8 % ни, энг юқори тола чиқимли, яъни, 40,0 фоизга эга бўлган синф 1,6 % ни ташкил қилди. Қолган тола чиқимли кўрсаткичларда, жумладан, 37,0 фоиз синфда 3,1 % ни; 37,5 фоиз синфда 7,0 % ни; 38,0 фоиз синфда 23,4 % ни; 38,5 фоиз синфда 26,6 % ни; 39,0 фоиз синфда 19,5 % ни; 39,5 фоиз синфда 18,0 % ни, 40,0 фоиз синфда 1,6 % ни ташкил этди. Бу йилда, энг кўп учраган тола чиқимли 38,0 фоиз ва 38,5 фоиз бўлган синфлар ташкил қилди. Ушбу нав уч йиллик маълумотга таянган ҳолда энг паст кўрсаткич 36,5 фоиз бўлган бўлса, энг юқори кўрсаткич 41,5 фоизни ташкил этди. Барча синфларнинг уч йиллик кўрсаткичларини таҳлил қилиш

натижасида қуйидаги кўринишда намоён бўлди; 36,5 фоизли намуналар 2,1 % ни, 37,0 фоизли намуналар 4,5 % ни; 37,5 фоизли намуналар 10,1 % ни; 38,0 фоизли намуналар 19,7 % ни; 38,5 фоизли намуналар 20,9 % ни; 39,0 фоизли намуналар 18,2 % ни; 39,5 фоизли намуналар 13,7 % ни, 40,0 фоизли намуналар 5,4 % ни, 40,5 фоизли намуналар % ни, 41,0 фоизли намуналар 1,2 % ни, 41,5 фоизли намуналар эса 0,6 % ни ташкил этди. Синфлар бўйича уч йиллик маълумотларнинг умумий ўртача кўрсаткичларидан маълум бўлишича, энг кўп фоизлиларни 38,0 ва 38,5 фоиз тола чиқимга эга бўлган намуналар ташкил этди.

Олинган натижалардан шундай хулоса қилиш мумкинки, Равнақ-2 навининг 2020, 2021 ва 2022 йиллардаги тола чиқим кўрсаткичлари 38,4 фоиз; 38,9 фоиз ва 38,4 фоизни ташкил этди. Бу кўрсаткич нав тола чиқими 38-39 % ни ҳисобга олинса, кейинги йилларда кузатилаётган иқлим ўзгариши шароитида барқарор ҳолатда сақланиб турганлигини кўриш мумкин.

ЎРТА ТОЛАЛИ ҒЎЗА ГЕНОТИПЛАРИДА УМУМИЙ ВА ОЧИЛГАН КЎСАКЛАР СОНИНИ АНИҚЛАШ

Каримов Э.Ё.[1], Эргашев О.Р.[1], Холлиев Ғ.Ч.[2], Зарликов А.Ш.[3]

[1]ЎзР ФА Генетика ва ўсимликлар экспериментал биологияси институти
Ўзбекистон, Тошкент вилояти, Қибрай тумани, Юқори юз
[2]ЎзР ҚХВ Ўсимликлар генетик русурслари илмий тадқиқот институти
Ўзбекистон, Тошкент вилояти, Қибрай тумани, ВИР кўчаси, 1
[3]ЎзР ҚХВ Тошкент Давлат Аграр Университети.Ўзбекистон,
Ўзбекистон,Тошкент в., Қибрай т., Салар қ., Университет кўчаси, 2
e-mail: igebr_anruz@genetika.uz

Айни дамда мамлакатимизнинг ғўза майдонларида бир қатор генотиплар парваришланиб, пахта ҳосили жамғарилаётган бўлиб, ушбу шакллар ўзларининг ҳар хил хусусиятларига кўра бир-бирларидан турли даражада фарқланадилар. Ҳар қандай ғўза нави қайсидир жиҳатига кўра бошқасидан нисбатан афзал бўлса, бошқа генотипда ҳам ўзига хос бўлган самарадорлик мавжуддир.

Тадқиқот ашёларидан олинган маълумотларга кўра, 2020 йилда Тошкент

вилояти шароитларида парваришланган ўрта толали ғўза генотипларининг фенотипида умумий кўсаклар сони бўйича Т-1391, ЎзФА-710, Т-41, ЎзФА-707, Т-1336 каби нав ва тизмалар андоза Наманган-77 навига нисбатан ижобий фарқланган. Т-1470, АН-Баёвут-2 ва Т-19 сингари шаклларда ҳам андозага нисбатан бироз салбий фарқланиш кузатилган бўлсада, лекин тадқиқотнинг бошқа ашёларига нисбатан ижобий тусланишни акс эттириб 16 дона ва ундан юқори кўрсаткичларни намоён этгани аниқланди.

Ўрганилган белги бўйича популяциянинг ўзгарувчанлик кўлами Т-1391, Бухоро-102 ва С-6524 каби шаклларда бошқаларига нисбатан юқори, Т-19, Т-1326 ва Т-41 тизмаларида энг паст кўрсаткичларда намоён бўлган.

Таҳлилдаги ғўза генотипларининг энг муҳим хусусиятларидан бири, яъни сентябр ойининг биринчи ўн кунлиги сўнгидаги очилган кўсаклари сонини аниқлаш ишларидан олинган натижаларга биноан, С-8290 ва Юлдуз навлари энг юқори кўрсаткичларни намоён этиб, тадқиқот ашёлари орасида андоза Наманган-77 ва бошқа шаклларга нисбатан ижобий фарқлангани ҳолда, кўрсаткичлар бўйича ижобийдан салбийга томон кетма-кетлик С-8290, Юлдуз, Т-19, Т-1336, ЎзФА-707, Т-1278, Т-41, Келажак, Т-1391, АН-Баёвут-2, Т-1777, Т-8588, Т-1326, ЎзФА-710, Наманган-77, Хоразм-127 ва Бухоро-102 сингари нав ва тизмаларда намоён бўлган.

Белги бўйича популяциянинг ўзгарувчанлик кўлами Келажак, С-8290 ва Хоразм-127 навларида юқори, Т-19, Т-1326, Т-41, Юлдуз ва Т-1391 каби ашёларда эса андоза ва бошқа шаклларга нисбатан энг паст маълумотлар кузатилган.

Олинган маълумотларнинг таҳлилий натижаларига асосланиб, 2020 йилда Т-1391, ЎзФА-710, Т-41, ЎзФА-707, Т-1336, Наманган-77, Т-1470, АН-Баёвут-2 ва Т-19 шаклларини тадқиқот ашёлари орасида кўсак сони кўп бўлган, С-8290, Юлдуз, Т-19, Т-1336, ЎзФА-707, Т-1278, Т-41, Келажак, Т-1391 каби нав ва

тизмаларни эса ҳосилининг энг кўп қисми очилган шакллар сифатида таърифлаш мумкин деган хулосага келинди.

Мазкур мақолада атрофлича ёритилган илмий тадқиқотларнинг Тошкент вилоятига хос бўлган тупроқ ва иқлим шароитларида амалга оширилганлиги-дан келиб чиққан ҳолда олинган натижаларни айнан шу вилоят ҳудудлари учун тавсиявий хусусиятларга эга дейиш мумкин бўлади.

“РАВНАҚ-1” ҒЎЗА НАВИ СИНОВ НАМУНАЛАРИНИНГ ТОЛА ЧИҚИМИ КЎРСАТКИЧЛАРИ

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

ЎзР ФА Геномика ва биоинформатика маркази
Ўзбекистон, Тошкент вил., Қибрай тум., Университет к., 2
e-mail: yuldoshbekmukhammadov@mail.ru

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

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

Изланишлар Геномика ва биоинформатика марказининг махсус уруғчилик хўжалигида олиб борилди. Мазкур тадқиқотда “Равнақ-1” нави биринчи йил уруғ кўпайтириш кўчатзоридан териб олинган синов наъмуналарининг тола чиқими кўрсаткичлари ўрганилди.

Мазкур тадқиқотда жами 163 та соғлом оиладан синов намунаси териб олинган бўлиб, барча таҳлил қилинган оилаларнинг ўртача тола чиқими 37,6 % ни ташкил этиб, шундан синф чегараси 36,0 % бўлган оилалар сони 7 та ни, 36,5 % бўлган оилалар сони 16 та ни, 37,0 % бўлган оилалар сони 38 та ни, 37,5 % бўлган оилалар сони 33 та ни, 38,0 % бўлган оилалар сони 28 та ни, 38,5 % бўлган оилалар сони 26 та ни ҳамда 39,0 % бўлган оилалар сони 15 та ни ташкил этганлиги аниқланган.

Лаборатория таҳлил натижаларига кўра жами 163 та оиладан 112 та оила турли белги кўрсаткичлар бўйича яроқсизга чиқарилган бўлиб, шундан 51 та оила тола чиқими ва тола узунлиги яхшилиги ҳисобига ҳамда нав белги хусусиятларига мос бўлган оилалар экишга танлаб олинган. Ушбу оилаларнинг ўртача тола чиқими 37,5 % ни ташкил этиб, синф чегараси 36,5-39,0 % тола чиқимига эга бўлган оилалар танлаб олинган.

Хулоса қилиб айтганда уруғчилик ишларини олиб боришда навнинг қимматли хўжалик белгиларидан ҳсобланган тола чиқими ва тола узунлиги кўрсаткичлари юқори бўлган оилаларни экиш ҳамда танлаб олиш муҳим ҳисобланади.

ВРЕДОНОСНОСТЬ РЖАВОГО ТОМАТНОГО КЛЕЩА (*ACULOPS LYCOPERSICI*) НА ТОМАТАХ

Кушаков Ш.О., Имамходжаева А.С., Рахматова Н.Р.,
Нормаматов И.С., Бабажанова Ф.И., Буриев З.Т.

Центр Генетики и Биоинформатики АН РУз
Узбекистан, Ташкентская обл., Кибрайский р-он, ул. Университетская, 2
e-mail: khushakovsh.@mail.ru

В современном мире, и в Узбекистане в частности, одной из наиболее остро стоящих проблем является проблема обеспечения растущего населения планеты доступной, натуральной и качественной пищей. Поэтому в настоящее время возрастает актуальность повышения эффективности сельского хозяйства за счет

применения новых инновационных технологий. Ржавый томатный клещ (*Aculops lycopersici*) - это паукообразный вредитель пасленовых, в частности томатов. Впервые он был описан в Австралии в 1917 году, а к 1940 году стал самым опасным вредителем томатов в центральных штатах США, где за 15 лет распространился по всей территории Америки. Продолжительность жизни имаго самки *A.lycopersici* составляет около 40 дней. За это время она откладывает примерно 20-40 яиц. Яйца невозможно заметить не только из-за крошечных размеров, но и из-за прозрачного цвета. На стадии яйца *A.lycopersici* невосприимчив к воздействию химикатов. Спустя 7 дней яйца становятся личинками, после чего переходят в стадию нимфы и имаго. Учитывая тот факт, что потомство клещей по половому признаку делится 50/50, то их размножение происходит в геометрической прогрессии. В последнее время из-за распространения *A.lycopersici* и в Узбекистане, потери урожая томата достигают до 30%.

Наше исследование направлено на выявление распространения образцов моли среди сортов томата. Исследования проводились в 2021-2023гг. Опыты осуществляли в 2 этапа. На 1-м этапе - энтомологической части, проводили изучение фенологического развития в соответствии с динамикой развития томата; изучение заселение *A.lycopersici* и нанесения ущерба растениям. Нами было наблюдено, что *A.lycopersici* зимовал в фазе имаго. Первые самки появились в 1-й декаде апреля 2021-2023 гг., когда температура воздуха достигла 13-15^{0}C. Местом зимовки *A.lycopersici* было поле межи, опавшая листва, развилки деревьев, а также зимующие сорняки и растительной остатки. *A.lycopersici* – вредитель томатов в закрытом грунте, но может повреждать и баклажаны, перец, картофель, дурман и многие другие растения. Размножение может быть сперматофорным, но в основном партогенетическое. Зимуют обычно самки, при благоприятных условиях в год дает множество поколений. В литературе

отмечено, что клещ развивается на таких сортах томатов, как Темп, Волгоград, Юсуповский, Китайский. Наши наблюдения показали, что стебли растений, зараженные *A.lycopersici*, становятся серебристыми, листья сначала покрываются желтыми блестящими пятнами, а затем весь лист желтеет и высыхает. В результате они отстают в развитии и полностью отмирают через 18 дней. Эксперименты показали, что, если растения томата заселяются ржавым томатным клещом в период рассады, они полностью высыхают. Эксперименты показали, что если растения томата были заражены клещами в период бутонизации (1 балл), урожайность с 1 куста снижается на 2038,5 г, коэффициент заражения составляет 52,6%; при повреждении на уровне 2 балла урожайность снижается на 2545,6 г, коэффициент заражения составляет 66,6%; если повреждение находится на уровне 3 балла, то урожайность снижается на 2740,8 г, а коэффициент заражения составляет 70,7%. Если растения были заражены на уровне 4 балла – 3087,8 г и 80,0% соответственно, если на уровне 5 баллов – урожай снижается до 3307,4 г, а коэффициент заражения составляет 85,3%. Меры борьбы. Следующие акарициды имеют достаточно высокий эффект в борьбе с ним: Гексамек, 1,8% к.эм. (0,2 л/га), Неомектин, 3,6% к.эм. (0,15 л/га), Капито, 50% к.эм. (0,25 л/га). Проведенный анализ результатов исследований показало, что томотная томатный ржавый клещ для томатов и других паслёновых культур является самым опасным вредителем.

РАСПРОСТРАНЕНИЕ КОЛОРАДСКОГО ЖУКА *LEPTINOTARSA DECEMLINEA SAY: COLIOPTERA CLRYSOMELIDAE* НА ПОСЕВАХ КАРТОФЕЛЯ

Кушаков Ш.О., Рахматова Н.Р., Нормаматов И.С.,
Бабажанова Ф.И.,Буриев З.Т.

Центр Генетики и Биоинформатики АН РУз
Узбекистан, Ташкентская обл., Кибрайский р-он, ул. Университетская, 2
e-mail: *khushakovsh.@mail.ru*

Под урожай картофеля в 2023 году было выделено 253 тыс. га земли, что на 86 тыс. га больше по сравнению с прошлым годом. Прогнозируется, что за счет увеличения площади посевных земель в этом году Узбекистан получит 4,1 млн тонн урожая. Предварительно 2,6 млн тонн вырастят фермерские хозяйства, а 1,5 млн тонн – на приусадебных участках. Известно, что частичный дефицит картофеля наблюдается в основном с января по май. Это сезон, когда данная культура в Узбекистане не выращивается. Ущерб, причиняемый вредителями культурных растений, велик: по данным Организации по продовольствию и сельскому хозяйству (ФАО) ООН, потери ежегодно составляют примерно 20—25 % потенциального мирового урожая продовольственных культур. Наибольший ущерб урожаю наносят насекомые, что объясняется, прежде всего, их биологическими особенностями, обилием видов, высокой плодовитостью и быстротой размножения. Первые серьёзные повреждения картофеля колорадским жуком были отмечены в 1855 году в штате Небраска, однако своё название он получил после того, как в 1859 году появился на картофельных полях штата Колорадо. В настоящее время встречается в России, в регионах Закавказья, Средней Азии. В последнее время увеличивается вредоносности данного вредителя.

На протяжении 2021–2023гг. в условиях в Центр Генетики и Биоинформатики общепринятым методикам проводился мониторинг распространение численности на плантациях таких сортов картофеля, как Туйимли, Акраб, Диёра, Куксарой, Серхосил. *L.decemlinea* – главный вредитель

картофеля, томата, баклажана, перца. Энтомологи описали, что зимуют, жуки в почве полей на глубине 20-70см. Выход жуков с зимовки начинается, когда температура почвы становится 12-16С0. В этот период жуки пытаются листьями молодых растений. Личинки также объедает на верхние листья, образуя отверстия, а по мере взросления переходят на средний ярус повреждая краев листьев, позднее съедает черешки и стебли. Для развития одного поколения необходимо 30-70 дней. Нами наблюдено развитие трех поколения. За 2021-2023 году на растени картофеля сортов Туйимли, Акраб, Диёра, Куксарой, Серхосил в последние декады мая наблюдено появилеие 1-3 особей этого жука. По времени заражений: было отмечено, что первыми *L.decemlinea* был обнаружен на сортах Диёра, Куксарой, а потом и на остальных - от 3-4 особи на кусте, что превышало экономически порог вредоносности. В перевод развития до образования клубней картофеля зараженностьь составила 25-31 %. Эксперименты показали, влияние зараженности на урожайности, по сортам было по-разному, на сорта Туйимли, если растения были заражены жуками в период вегетации до 30,6%, то урожайность с куста снижалась на 4600,2 г, на сорта Акраб эти показатели были на уровни зараженности до 31% и урожайность с куста снижалась на 4650г, у сорта Диёра эти показатели были на уровни зараженности до 25,3 %, урожайность упала на 3850г. У сорта Куксарой эти показатели были следующие: зараженность до 27,1 % и урожайность с куста снижается на 3910г, а для сорта Серхосил - уровень зараженности доходила до 29,6 % и урожайность снизилась на 4150г. В таких случаях рекомендуют сочетать различные способы борьбы с *L.decemlinea*: механический, химический, биологический. Перед посадкой клубни - обрабатывать спецпрепаратами, например: Караген КС-200 (д.в. Хлоратранилипрол) -0,04-0,05 л/га, Суперкилл 25 % к.э.(д.в. Циперметрин) -0,1-0,16л/га, Супер-альфа 5 % к.э. (д.в. Эсфенвалерат) – 0,25 л/га, Матч 5 % к.э. (д.в. Люфенурон) – 0,4 л/га, Адонис 4 % к.э. (д.в. Фипронил) - 0,25 л/га. Эффективно и раннее обнаружение и уничтожение яйцекладок. Используют также приманочный способ борьбы со взрослыми жуками.

G. MUSTELINUM MIERS EX WATT. ТУРИНИНГ БОШҚА ТЕТРАПЛОИД ТУРЛАР БИЛАН ТУРЛАРАРО F_1 ДУРАГАЙЛАРИДА ЦИТОГЕНЕТИК ТАҲЛИЛ НАТИЖАЛАРИ

Рафиева Ф.У., Эрназарова Д.К.

Ўз ФА Генетика ва ўсимликлар экспериментал биологияси институти
Ўзбекистон, Тошкент Қибрай тумани Юқори-юз
e-mail: inst@gen.org.uz

Кўпгина цитогенетик тадқиқотлар ўрганилаётган биринчи авлод (F_1) дурагайларининг ота-она шакллари бир хил геномга мансуб бўлса (*G.arboreum* L. ва *G.herbaceum* L., *G.hirsutum* L. ва *G.barbadense* L.) мейоз ҳеч қандай махсус бузилишларсиз кечишини кўрсатади. Бундан ташқари, хромосомаларнинг деярли тўлиқ конъюгацияси кузатилиб, бу уларнинг гомологик эканлигини кўрсатади. Бироқ, бу дурагайларда ота-она турларга қараганда, кўпинча мейоз даврида баъзи бузилишлар кузатилади, яъни: хиазм частотасининг пасайиши билан унивалентларнинг пайдо бўлиши, хромосомаларнинг кечикиши, дук ипларининг шаклланишидаги носимметрикликлар, тетрадалар ва мувозанатсиз гаметаларнинг шаклланишида анормалликларга олиб келади. Қуйида *G.mustelinum* турини полиморф *G.hirsutum* L., *G.barbadense* L. ва *G.darwinii* турлари билан чатиштириш натижасида олинган биринчи авлод турлараро дурагайларида мейознинг метафаза 1 босқичи, тетрадалар таҳлили ва чанг ҳаётчанлигини баҳолашни ўз ичига олган цитогенетик таҳлил натижалари баён қилинади.

Мейознинг метафаза 1 босқичи. Биринчи авлод турлараро дурагайларининг цитогенетик таҳлили шуни кўрсатдики, ўзаро турлараро реципрок дурагайларида *G.mustelinum* × *G.hirsutum ssp.mexicanum var.nervosum*, *G.hirsutum ssp.mexicanum var.nervosum* × *G.mustelinum* хромосомаларнинг конъюгацияси нормал бивалентлари билан тавсифланади. Юқоридаги комбинациялардан фарқли ўлароқ *G.barbadense* L. (ssp. *ruderale* f.*pisco*) тури рудерал шакли ва *G.darwinii*

тури билан *G.mustelinum* тури иштирокидаги дурагайларда метафаза I босқичида бивалентлар билан биргаликда квадривалентлар қайд этилди. Квадривалентлар асосан туташган типдаги ҳалқасимон очиқ ва ёпиқ кўринишда намоён бўлди. Бу каби хромосомалар конъюгациясида аниқланган бузилишлар дурагайлашда фойдаланилган бошланғич манбалар генотипининг гетрозиготали ҳамда гетерогенлик хусусиятларини белгилайди.

Тетрадалар таҳлили. Тетраплоид ўсимликларда микроспора спорадаларининг морфологияси ниҳоятда хилма-хил бўлиб, ядро бўлиниши ва ҳужайра шаклланишининг бузилиши натижасида юзага келади. Нормал шаклланиш натижасида эса юқори фоизли микроспораларнинг тетрадалари ҳосил бўлади, бу эса ҳаётчан чанг доначаларининг пайдо бўлишини таъминлайди. Ажралишлардаги маълум оғишлар фақатгина тетрадалар таҳлили натижасида аниқланади. Навбатдаги цитогенетик таҳлил – спорадалар таҳлили бўлиб, ўнта турлараро дурагай комбинация ўсимликларида ўтказилди. Олинган натижалар барча намуналарда мейотик индекснинг юқори кўрсаткичларини намоён қилди. Нисбатан паст мейотик индекс билан *G.darwinii* х *G.mustelinum* реципрок комбинацияси (91,69±0,81; 92,28±0,83) ҳамда *G.mustelinum* х *G.barbadense ssp.ruderali f.parnat* (92,30±0,69) дурагай комбинациялари қайд этилди.

G.mustelinum турининг *G.hirsutum* L., *G.barbadense* L. турлари шакллари ва *G.darwinii* тури билан дурагайлаш натижасида олинган турлараро дурагайларнинг цитогенетик таҳлили - мейознинг метафаза I босқичида хромосомаларнинг конъюгацияси, мейотик индекс ҳамда чанг ҳаётчанлигининг нормал кечиши, натижада мунтазам тетрадаларнинг шаклланишини, юқори мейотик индекс ва юқори чанг ҳаётчанлиги ота-она шаклларининг филогенетик яқин муносабатларини кўрсатади. Айрим комбинацияларда бундан мустасно тарзда метафаза I босқичида бивалентлар билан биргаликда квадривалентлар

қайд этилганлиги ҳамда мейотик индекс ва чанг ҳаётчанлигининг нисбатан пастлиги дурагайлашда фойдаланилган бошланғич манбалар хромосома структуравий тузилишида сезиларли фарқлар борлигидан далолат беради.

ҒЎЗАДА ҚИММАТЛИ ХЎЖАЛИК КЎРСАТКИЧЛАРИНИНГ ШАКЛЛАНТИРИЛИШИДА ПОПУЛЯЦИОН ТАРКИБ ИМКОНИЯТЛАРИДАН ФОЙДАЛАНИШНИНГ АҲАМИЯТИ

Эргашев О.Р., Қаҳҳоров И.Т., Холлиев Ғ.Ч., Зарликов А.Ш., Раҳмонов С.Д.

ЎзР ФА Генетика ва ўсимликлар экспериментал биологияси институти
Ўзбекистон, Тошкент вилояти, Қибрай тумани, Юқори юз
e-mail: igebr_anruz@genetika.uz

Ғўзанинг барча дурагай ўсимликлари ва авлодлари бир неча йиллар давомидаги амалга ошириладиган мақсадли қайта-қайта танлаш усули билан тизмалар, сўнгра навлар даражасига етказилади. Уларда қимматли хўжалик белгилари ва хусусиятлари аввал шакллантирилиб, кейин барқарорлаштирилади.

Қимматли хўжалик белгилари кўрсаткичларидан бирининг ошиши белгиларнинг намоён бўлишидаги ўзаро боғлиқлик ҳодисасига кўра, бошқа бир ёки бир неча белги кўрсаткичларининг пасайишини инобатга олиб, селекционерлар бошқа кўрсаткичларни пасайтирмаган ҳолда, айримларини кўтаришга интиладилар. Ушбу изланишларда танлаш ишларини йиллар давомида мунтазам ва пухта ўтказилиши муҳим аҳамият касб этади.

ЎзФА-710 навининг айрим қимматли хўжалик кўрсаткичларининг шаклланиши, барқарорлашуви ва сақланишини тадқиқ этиш мақсадида ўрганилган тўққиз авлод ўсимликларидан олинган маълумотларга кўра, бир кўсакдаги пахта вазни бўйича таҳлилдаги йиллар давомида ўртача кўрсаткичлари 4.59-6.01 гр. атрофида тебраниб, ушбу тебранишнинг энг паст кўриниши 2018 йилда содир бўлиб, мазкур йилда тола чиқими ҳам пасайгани ҳолда тола узунлигида кўтарилиш кузатилган. Бу жараённи белгиларнинг пайдо

бўлишидаги ўзаро боғлиқлик ҳодисаси дейиш мумкин. Пахта вазни бўйича энг юқори кўрсаткич 2014 йилда кузатилиб, тўққиз йиллик умумий ўртачага нисбатан 0.61 гр фарқланган. Таҳлил этилган тўққиз йилдаги фақат икки йил (2011, 2018 йй.) да умумий ўртача кўрсаткичларнинг 5 гр.дан камайгани ва етти йил давомида 5,5-6 гр атрофидаги кўринишда акс этгани нав генотипида ушбу жиҳат бўйича турғунлик мавжудлигини англатади.

Тола чиқимининг энг баланд кўрсаткичи 2010 йилда кузатилиб, мазкур навнинг шу хусусияти бўйича танлов ишлари давом эттирилса 43 % гача тола бериши мумкин эканлигини билдиради. Энг паст кўрсаткичларнинг 2011 ва 2016 йилларда(40.6, 40.8 %)да намоён бўлганини ушбу йилларда тола узунлигининг энг юқорига кўтарилгани билан изоҳлаш мумкин. Кўрсаткичларнинг аксарият йилларда 40-42 % атрофида намоён бўлишига кўра, ушбу жиҳатдан ҳам генотипда барқарорликка эришилган дейиш мумкин.

Тола узунлигининг энг паст кўрсаткичи 2010 йилда намоён бўлиб, бу ҳолатни шу йили чиқимнинг энг баланд нуқтага кўтарилгани билан боғлаш мумкин. Тебранишнинг навбатдаги пастга силжиши 2012 йилда такрорланиб, мазкур йилда ҳам тола чиқимида кўтарилиш кузатилган. Маълум бўладики, иккала йилда ҳам (2010 ва 2012 йй.) кўрсаткичларнинг бу тарзда тебранишида белгиларнинг пайдо бўлишида ўзаро коррелятив боғлиқлик ҳодисаси муҳим аҳамият касб этган. Лекин, шу жиҳатга алоҳида эътибор бериш лозимки, айнан тола узунлигини бир кўсакдаги пахта вазни ва тола чиқими кўрсаткичларини пасайтирмаган ҳолатда узайтириш мақсадида олиб борилган бир неча йиллар давомидаги якка танлаш ишларининг натижасида ушбу нав популяциясининг мазкур белги кўрсаткичларида шаклланиш жараёни ҳам ниҳоясига етиб, ўртача 34.5 мм атрофида барқарорлашган дейиш мумкин.

Юқорида келтирилган таҳлилларга таяниб шундай хулосага келишимиз мумкинки, Қимматли хўжалик белгилари кўрсаткичлари юқори бўлган ғўза

навларини яратиш борасидаги тадқиқотларни самарали олиб боришда танлов ишларининг мукаммал даражада ўтказилишининг аҳамияти катта эканлигини келтириб ўтилган маълумотлар ҳам тасдиқлаб турибди.

Ғўза толасининг чиқими ва узунлиги кўрсаткичлари юқори бўлган янги тизмалар ҳамда навларни яратиш бўйича келгусидаги илмий тадқиқотларда ЎзФА-710 навидан бошланғич ашё сифатида фойдаланишни тавсия этамиз.

ЎРТА ТОЛАЛИ ҒЎЗАНИНГ Т-1336 ТИЗМАСИДА ТОЛА ЧИҚИМИ КЎРСАТКИЧЛАРИНИНГ НАМОЁН БЎЛИШИ

Эргашев О.Р., Азимов А.А., Абдурасулов Ф.Ш., Қаҳрамонов А.К.

ЎзР ФА Генетика ва ўсимликлар экспериментал биологияси институти
Ўзбекистон, Тошкент вилояти, Қибрай тумани, Юқори юз
e-mail: igebr_anruz@genetika.uz

Ғўза ўсимлигининг энг қиммат қисми толаси ҳисобланганлиги учун янги генотипларда унинг миқдорини ошириш катта амалий аҳамиятга эга. Шу сабабли, тола чиқимининг қай тарзда ирсийланиши устида кўплаб дунё ва юртимиз селекционер олимлари илмий изланишлар олиб боришган. Ушбу тадқиқотлар айниқса сўнги йилларда жадал суратлар билан амалга оширилмоқда.

Мавзу юзасидан таҳлил этилган илмий адабиётларда ҳам ўрта толали ғўзанинг нав ва дурагайларида тола чиқимининг намоён бўлишини тадқиқ этишга тадқиқотчилар томонидан алоҳида аҳамият қаратилади.

ЎзР ФА Генетика ва ЎЭБИ нинг Дўрмон илмий тажриба базасида олиб борилган тадқиқотларда ғўзанинг Наманган-77 нави ва Т-1336 тизмасидаги тола чиқими кўрсаткичларининг 2021-йилда намоён бўлиши таҳлил қилинди. Тадқиқ этилаётган ғўза намуналарининг тола чиқими кўрсаткичларига кўра бир-биридан қиёсий фарқланишини акс эттирувчи маълумотларга кўра, таҳлилдаги ғўза генотипларининг тола чиқими белгисини ифодаловчи кўрсаткичларида 0,06 % яъни бир-биридан сезиларли фарқланиш кузатилмаган.

Белги бўйича популяциянинг ўзгарувчанлик кўламида эса генотиплар ўртасида кичик кўрсаткичларда андозага нисбатан тизмада ижобий фарқланиш намоён бўлган.

Жамланган маълумотларга кўра, Т-1336 тизмасининг таҳлилдаги белгиси бўйича популяция таркибида мазкур тадқиқот йилида 37.1-38.0 ва 38.1-39.0 % ли тола чиқимини акс эттирувчи ўсимлик гуруҳлари популяция таркибида доминантлик қилган.

Юқоридагилардан келиб чиққан ҳолда, шундай хулоса қилишимиз мумкинки, мақолада таҳлил қилинган ғўза тизмаси тола чиқими кўрсаткичлари бўйича ижобий аҳамиятли бўлган генотиплардан биридир. Ушбу тизмани келгусидаги генетик-селекцион тадқиқотларга кенг жалб этишга тавсия этамиз.

III. MOLEKULYAR BIOTEXNOLOGIYA

PROPAGATION OF LOCAL GRAPE (*VITIS VINIFERA* L.) VARIETIES *IN VITRO* CONDITIONS

Abdullaev A.N., Abdullaev S.A., Bolkiyev A.A., Yusupov H.N.,
Babadjanova F.I., Ubaydullaeva Kh.A.

Center of Genomics and Bioinformatics the Academy of Sciences of the Republic of Uzbekistan
Universite street 2, Kibray district, Tashkent region, Uzbekistan
e-mail: adhamnomozovich@gimail.com

In the development of the viticulture sector in the republic, the application of scientific achievements and innovative developments in the sector are one of the urgent issues in increasing the production capacity and ensuring their competitiveness. There are a number of issues that need to be solved for the development of this industry, such as choosing varieties suitable for the climate of each region, improving agrotechnical measures, applying innovative methods to selection work, radically updating storage and processing technologies, and harmonizing fruit packaging and transportation measures with international standard requirements. However, to increase the production capacity, planting is in special importance, providing this layer with clean and virus free seedlings is the basis of the doings listed above. Therefore, in the Center of Genomics and Bioinformatics, several varieties of grapes have been propagated using the *in vitro* method.

The intensity of stages of grape (*Vitis vinifera* L.) reproduction *in vitro* (callus tissue formation and proliferation; shoot formation, root formation) depends on factors such as explant type, explant sterilization method, combinations of growth regulators used in nutrient media. Effects of different hormones on rooting formation and growth of local grapevine (*Vitis vinifera* L.) cultivars were studied in *Murashige* and *Skoog* (MS), *Woody Plant medium* (WPM), *Driver* and *Kuniyuki Walnut medium* (DKW) and it was statistically analyzed. Three different nutrient mediums were selected and the

germination and rooting of four cultivars were compared and the optimal nutrient medium was selected. Among the three different nutrient media, MS was observed as the optimal nutrient. The conducted experiments showed that the Oqdum kishmish variety showed the best results among the four grape varieties propagated in MS medium. The concentration of growth regulators 1.0 mg L^{-1} BAP + 0.5 mg L^{-1} Kiniten compared to 1.0 mg L^{-1} BAP + 0.5 mg L^{-1} Kiniten + 0.5 mg L^{-1} gave a positive result in crowning and rooting in *meta*-topolin. *Meta*-topolin cytokinin and auxin have been identified as compounds that induce cell division under the influence of growth regulators in certain nutrient media. But we should not come to the conclusion that the more we increase the concentration of hormones, the more, longer and faster the root growth and crowning will be. Because the growth, reproduction, and development of plants are highly dependent on the totipotency trait and genotype, it is related to the ability to choose the criteria for the concentration of optimal nutrients and growth regulators.

ISSIQXONA GAZLARINI KAMAYTIRISHDA BIOTEXNOLOGIK YONDASHUV

Abdug‘afforov A.T.[1,2], Usmanov D.E.[2], Xusanbayeva Sh.R.[2], Sobirov B.M.[2], Shermatov Sh.E.[2], Buriev Z.T.[2]

[1]Mirzo Ulug‘bek nomidagi O‘zbekiston Milliy Universiteti
O‘zbekiston, Toshkent shahar Olmazor tumani Universitet ko‘chasi, 4
[2]O‘zR FA Genomika va bioinformatika markazi
O‘zbekiston, Toshkent viloyati, Qibray tumani, Universitet ko‘chasi, 2
e-mail: *azamatabdugafforov86@gmail.com*

Qazib olinadigan yoqilg‘ining yoqilishi, o‘rmonlarning qisqarishi va sanoatning jadal rivojlanishi atmosferada karbonat angidrid (CO_2) gazini katta miqdorda to‘planishiga olib keldi. Atmosferadagi uglerodning haddan tashqari ko‘pligi butun dunyo bo‘ylab haroratning oshishiga olib kelmoqda. Bu esa suv tanqisligi va qurg‘oqchilikni yanada jadallashishiga sabab bo‘lmoqda. Shuning uchun dunyo

olimlari atmosferada karbonat angidridni kamaytirish maqsadida turli xil texnologiyalarni ishlab chiqmoqdalar. Istiqbolli texnologiya sifatida atmosferadagi uglerodni o‘simliklarning ildizida suberin moddasi tarkibida saqlash taklif etilmoqda.

Ma’lumki fotosintez natijasida o‘simliklar har yili havodan milliardlab tonna karobonat angidridni olib, organik moddalarni hosil qiladi va kuz kelganda o‘simliklarning qismlari chirishi natijasida uglerodning ko‘p qismi yer atmosferasiga qaytadi. Ushbu jarayon natijasida atmosferaga qaytadigan uglerodni kamaytirish olimlar oldida turgan vazifadir. O‘simliklarning yer usti va ildiz qismlari hujayralarining birlamchi devorining ichki yuzasida suberin biopolimeri mavjud bo‘lib, bu gidrofob modda suv va gazlarni o‘tkazmasligi va gidrolitik fermentlarga chidamliligi uchun yer ostida uzoq saqlanadi. Suberin moddasini ildiz tizimida sintezini kuchaytirish uni ildizida ko‘p miqdorda to‘planishi va shu orqali uni atmosferaga qaytishini kamaytirish imkonini beradi. Ushbu dunyo bo‘ylab ko‘p miqdorda ekiladigan g‘o‘za, bug‘doy va boshqa ekinlarda qo‘llash esa yer atmosferasida uglerod angidridini sezilarli darajada kamayishiga olib kelishi mumkin.

Hozirgacha olimlar tomonidan asosan *Arabidopsis thaliana* va kartoshka (*Solanum tuberosum* L.) kabi o‘simliklarda suberin uning tarkibiga kiradigan moddalarni sinteziga javobgar genlarini aniqlash va tavsiflash bo‘yicha tadqiqotlar olib borilgan. Misol uchun, *β-Ketoacyl-CoA* sintaza fermenti sinteziga javob beradigan *(StKCS6, AtKCS2* va *AtKCS20), ω*-gidroksi kislotasi biosintezi uchun zarur bo‘lgan tsitoxrom *P450* oksidazalarini kodlovchi *(StCYP86A33, AtCYP86A1), RALPH (CYP86B1), AtCYP716 va KoAreduktaza* fermentini sintezlanishiga javob beruvchi (*AtFAR, AtFAR4* va *AtFAR5)* genlar aniqlangan. Shuningdek bir nechta transkriptsiya omillari suberin biosintezi va to‘planishining regulyatorlari sifatida tavsiflangan va o‘simliklardagi abiotik stresslarga javoban ABA (Abscisic acid. Absizat kislotasi) signalizatsiyasining muhim tarkibiy qismlari ekanligi isbotlangan. *AtMYB41* transkriptsiya faktori abiotik stress sharoitida suberin biosintezi va to‘planishining ijobiy regulyatori ekanligini tasdiqlangan. *Nicotiana benthamiana* barglarida arabidopsis o‘simligining *AtMYB41* transkriptsiya faktorini overekpressiya qilinishi

suberin biosintezi genlari va tegishli metabolitlar (ω-gidroksi yog‘ kislotalari va dikarbon kislotalar) transkriptlarning ektopik to‘planishiga olib keladi. Bundan tashqari, *AtMYB41* transkriptsiya omilining overekspressiya qilinishi natijasida hosil bo‘lgan barg epidermal va mezofil hujayralarida suberinning ektopik to‘planishi kuzatilgan. Xuddi shunday, *N.benthamianada AtMYB92* transkriptsiya omilining overekspressiya qilinishi suberin bilan bog‘liq alifatik birikmalarning to‘planishining sezilarli darajada oshishiga olib kelgan. Arabidopsisda AtANAC046 transkriptsiya omili suberinning ildizlarda, xususan, birlamchi ildizlarning endodermisida va ikkilamchi ildizlarning peridermasida to‘planishini va jarohatlanishga javoban barglarda sintezlanishini osonlashtiradi.

Ushbu tadqiqotlar o‘simliklarda suberin sintezida qatnashuvchi genlarni molekulyar biotexnologiya uslublari orqali boshqa o‘simliklarda qo‘llash mumkinligini ko‘rsatdi. Shuning uchun biz g‘o‘zada suberin genlarini aniqlash va ularni ekspressiyasini o‘zgartirish orqali g‘o‘za o‘simligining ildizlarida suberin sintezini oshirishni maqsad qilib qo‘ydik. Shu maqsadda biz bir qator tadqiqotlarda aniqlangan genlar va ularning samarasini o‘rganib chiqdik. Hozirda g‘o‘zada ularni gomologlarini aniqlash bo‘yicha bioinformatik tahlillar amalga oshirilmoqda.

ОТБОР ЭКСПЛАНТОВ ДЛЯ ВВЕДЕНИЯ В КУЛЬТУРУ *IN VITRO* МЕДИЦИНСКИХ ВИДОВ РОДА *UNGERNIA* (*U.SEWERTZOWII* (REGEL) B.FEDTSCH. И *U. VICTORIS* VVED. EX ARTJUSH.)

Жураева Х.К., Мустафина Ф.У.

Ботанический сад имени академика Ф.Н. Русанова Института ботаники АН РУз
Узбекистан, Ташкент, Юнус-Абадский район, ул. Богишамол, 232
e-mail: botanika-t@mail.ru, jurayevahanifa@gmail.com

Ungernia sewertzowii (Regel) B.Fedtsch. - эндемичное растение, распространенное в Ташкентской области и в Южном Казахстане. Многолетник. Встречается на высоте 1300-2300 м над уровнем моря. Сырьем служат листья, которые заготовляют в апреле (30-35 см длины). В листьях содержится сумма

алкалоидов с преобладанием ликорина (до 0,45 %). Печеные луковицы унгернии использовались в качестве ранозаживляющего средства, их прикладывали также к фурункулам для очищения от гноя. В настоящее время в медицине употребляют ликорина гидрохлорид как отхаркивающее средство при хронических и острых воспалительных процессах в легких и бронхах и при бронхиальной астме.

Ungernia victoris Vved. ex Artjush. Статус 2. Редкий эндемик Юго-западного Памиро-Алая с сильно сокращающимся ареалом. Причины изменения численности и ареала: интенсивная заготовка листьев в качестве лекарственного сырья, в результате чего луковицы истощаются и заросли возобновляются медленно. Унгерния Виктора - эндемичное растение, распространенное на Гиссарском хребте и его южных отрогах. Многолетник. Встречается на высоте от 800 до 2700 м над уровнем моря. В качестве сырья у унгернии Виктора используют вполне развившиеся листья (длина 30-35 см). Листья содержат алкалоиды, из которых основные галантамин, галантин, ликорин. Галантамина в листьях найдено до 0,2 %. Особенно много алкалоидов накапливается в подземных органах растения. В луковицах обнаружено 0,8-0,9 % суммы алкалоидов. В луковицах с корнями галантамина больше, но преобладает в них ликорин. В настоящее время листья унгернии Виктора служат основным сырьевым источником получения галантамина, выпускаемого в виде галантамина гидробромида. Применяют галантамина гидробромид при миастении, прогрессивной мышечной дистрофии, двигательных и тактильных нарушениях, связанных с невритами, полиневритами, радикулитами.

В рамках прикладного проекта А-ФА-2021-146 «Создание технологии организации и размножения лекарственных растений методом *in vitro*» проведена разработка протокола микроклонального размножения этих видов с целью сохранения и внедрения в кластерах лекарственных растений. В результате проведенных исследований установлено, что введение в культуру *in vitro* двух

видов рода *Ungernia* Bunge. возможно с использованием частей проросшего семени (гипокотиля и котилидона).

Для *U.sewertzowii* определены два пути микроразмножения: прямой органогенез и непрямой органогенез. Наблюдали формирование каллуса на гипокотиле (до 80 % эксплантов) на котилидоне (до 60 % эксплантов), при этом количество сформированных луковичек на каллусе составило до 200 штук на гипокотиле и до 120 штук на эксплант на котилидоне. При прямом органогенезе для *U.sewertzowii* наблюдали формирование до 4-5 микролуковичек на экспланте. Адаптивность к грунту микролуковичек сотавила до 60%. Микроклональное размножение *U.victoris* возможно только путем непрямого органогенеза. Наблюдали формирование каллуса на гипокотиле (на 80% эксплантов) и котилидоне (до 60% эксплантов), при этом количество сформированных луковичек на каллусе составило до 200 штук на эксплант на гипокотиле и до 120 штук на эксплант на котилидоне. Прямого органогенеза для *U.victoris* не наблюдали. Адаптивность к грунту луковичек сотавила 60%.

РЕКОМБИНАНТНЫЕ РАСТИТЕЛЬНЫЕ ВАКЦИНЫ ПРЕИМУЩЕСТВА И НЕДОСТАТКИ

Шерматов Ш.Э., Камбурова В.С., Буриев З.Т.

Центр геномики и биоинформатики АН РУз
Узбекистан, Ташкентская область, Кибрайский район, ул. Университетская, 2
e-mail: *sshermatov@hotmail.com*

В настоящее время в большинстве стран мира признано, что вакцинация является наиболее эффективным способом профилактики многих инфекционных и неинфекционных заболеваний. Благодаря применению вакцин удалось значительно снизить детскую смертность и увеличить продолжительность жизни во всех социальных группах развитых и развивающихся стран.

Для большинства разработчиков совершенствование вакцин направлено на снижение их стоимости, увеличение и упрощение срока хранения и удешевление производства. Одним из таких решений может быть использование растений в качестве «фабрик» для производства вакцин. Растения являются более безопасными системами для получения вакцинных белков, поскольку не содержат вирусов, способных вызывать заболевания человека. Это делает растения более оптимальными системами получения вакцин, чем бактерии. При этом рекомбинантные антитела, получаемые в трансгенных растениях, не уступают по эффективности полученным традиционным способом.

Растительные вакцины можно условно разделить на 2 вида: вакцины, которые вводятся традиционным, инъекционным способом, и съедобные вакцины. Эти вакцины отличаются конечным этапом в производстве: белок для инъекционных вакцин извлекается из растений, очищается и на его основе производится вакцина. Для съедобных вакцин извлечение белка из растений не производится, из-за чего для такого типа вакцин часто используют те растения, которые человек традиционно использует в пищу: помидоры, картофель, огурцы, зелень.

В настоящее время усилия многих ученых направлены на создание именно съедобных вакцин. Это связано с тем, что сам процесс вакцинации — очень простой, удобный и безопасный, при котором риск заражения другими микроорганизмами минимален. Во-вторых, съеденная вакцина попадает прямиком в желудочно-кишечный тракт, а конкретно — к его слизистым оболочкам.

Слизистые являются первым барьером на пути любой инфекции и их защита обеспечивается особыми клетками иммунной системы, образующими мукозную (слизистую) иммунную систему. Эта система иммунитета является неспецифической и обеспечивает первый барьер на пути инфекций. При этом вакцинация через слизистые оболочки приводит к стимуляции как мукозного, так и общего иммунных ответов.

Тем не менее, проведение вакцинации через слизистые оболочки сопряжено с трудностями из-за ряда физиологических барьеров, препятствующих проникновению антигенных белков. Клеточная стенка растительных клеток обеспечивает естественную защиту антигена, когда он проходит через пищевод и желудок среди кислых пищеварительных соков. Впоследствии антиген, инкапсулированный внутри этого защитного экрана, благополучно достигает кишечника, тем самым получая доступ к иммунной системе слизистой оболочки.

При создании биотехнологических вакцин используют несколько подходов. В первом случае генетический материал вируса или бактерии вводится в растение, что приводит к синтезу антигенных белков. Однако более перспективный подход предполагает дизайн генов, ответственных за производство искусственных белков. Эти белки, составляющие синтетические вакцины, тщательно разработаны так, чтобы обладать оптимальным расположением «активных» центров антигена, тем самым вызывая иммунные реакции, способствующие развитию иммунитета.

Разработка съедобных растительных вакцин основана на способности растений восстанавливать (регенировать) целое растение даже из одной клетки, а также на свойстве особой почвенной бактерии *Agrobacterium tumefaciens* переносить фрагменты ДНК в ядро растительной клетки и встраивать эту ДНК в генетический материал растений. Сам процесс создания съедобной растительной вакцины можно представить следующим образом: на первом этапе выбирается интересующий ген, из его последовательности выбираются кодирующие участки (экзоны), из которых собирается искусственный ген и встраивается в специальный вектор, обеспечивающий его встраивание в геном растений. Затем эта конструкция внедряется в бактерию *Agrobacterium tumefaciens*.

Методологию разработки пероральной растительной вакцины можно описать следующим образом: первоначально идентифицируют целевой ген и из его генетической последовательности выделяют кодирующие сегменты (экзоны).

Впоследствии из этих выбранных экзонов синтезируется искусственный ген, который включается в специализированный вектор, предназначенный обеспечивающий его встраивание в геном растений. Разработанную конструкцию впоследствии вводят в бактерию *Agrobacterium tumefaciens* для дальнейших манипуляций.

Далее растительная ткань обрабатывается такой трансформированной бактерией и клетки, содержащие конструкцию, размножаются на специальных средах. Впоследствии из культивируемых клеток получают растение, в котором синтезируются антигенные белки. Эти растения размножаются традиционными методами и служат источником съедобных вакцин, вызывающих иммунные реакции у людей. Последующие этапы разработки вакцины предполагают первоначальное тестирование на моделях животных, за которыми следуют испытания с участием людей.

ПРЕИМУЩЕСТВА МИКРОКЛОНАЛЬНОГО РАЗМНОЖЕНИЯ *FERULA SUMBUL* В УСЛОВИЯХ *IN VITRO*

Жамалова Д.Н.[1], Мустафина Ф.У.[2]

[1]Института ботаники АН РУз
Узбекистан, Ташкент, Мирзо-Улугбекский р-н, ул. Дурмон Йули, 32
[2]Ботанический сад имени академика Ф.Н. Русанова Института ботаники АН РУз
Узбекистан, Ташкент, Юнус-Абадский район, ул. Богишамол, 232
e-mail: *dilafruz.bel.91@mail.ru*

Для размножения растений с высокой скоростью производства биотехнология растений предлагает новые способы; среди них эмбриогенез *in vitro* может стать альтернативой микроразмножению растений.

Большинство исследований *in vitro* представителей семейства Apiaceae касаются индукции и развития соматических эмбрионов. Только в нескольких отчетах упоминается регенерация растений с помощью каллусогенеза в этом семействе. Микроразмножение посредством соматического эмбриогенеза может

широко применяться для сокращения длительного полового цикла и решения других проблем, таких как ограниченная доступность семян.

Соматический эмбриогенез (СЭ) - это процесс, посредством которого соматические клетки в условиях индукции генерируют эмбриогенные клетки, которые проходит несколько этапов морфологических и биохимических изменений, которые приводят к образованию биполярной структуры без сосудистой связи с исходной тканью.

В публикациях многих авторов соматический эмбриогенез некоторых видов *Ferula* получен из эмбриогенного каллуса, сформированного на питательной среде, содержащей 2,4-Д с кинетином, НУК с кинетином, чаще всего низкой концентрации (0,2-0,5 мг/л). Использование 2,4-D с целью индуцирования эмбриогенеза также описывалось и для *Bunium persicum, Glehnia littoralis, Petroselinum hortence, Heraclum candicans* и *Eustoma grandiforum*.

В качестве объектов исследований были отобран лекарственный вид рода *Ferula* L. (Apiaceae Lindl.): *Ferula sumbul (Kauffm.) Hook.f.* Многолетник, поликарпик. Редкий эндемик Памиро-Алая. Ферула мускатная распространена по каменистым склонам среднего пояса гор, среди зарослей кустарников.

Для *F.sumbul* характерен микроклональный размножения путем соматического эмбриогенеза, при котором в качестве экспланта использовался зародыши семян. В проведенных исследованиях выяснилось, что из каллусов, полученных из одного семени, формируется до 20-50 соматических эибрионов, на это уходит в среднем 5-6 месяцев.

Результаты исследований по способу показали, что для ферулы мускатной формирование эмбриогенного каллуса возможно при условии введения в культуру *in vitro* зрелых зиготических зародышей на питательных средах, которые содержали низкие концентрации 2,4-дихлорфеноксиуксусной кислоты (0,5 мг/л), для формирования соматических эмбрионов пассирование

эмбриогенного каллуса необходимо осуществлять на питательные среды с кинетином (0,2-0,5 мг/л). Для того, чтобы глобулярные эмбрионы перешли на следующие стадии развития, а именно сердцевидную и торпедовидную, необходимо удалить из питательной среды гормон 2,4-дихлорфеноксиуксусная кислота и перенести на безгормональную питательную среду МС с сахарозой и агаром.

ACER PLATANOIDES L. CRIMSON KING (*ACEARCEAE JUSS.*) MANZARALI O‘SIMLIK TURINI MIKROKLONAL KO‘PAYTIRISH

Xazratov A.T., Juraeva X.K., Mustafina F.U.

O‘zR FA Botanika Instituti huzuridagi akad. F.N. Rusanov nomidagi Toshkent Botanika bog‘i
O‘zbekiston, Toshkent sh. Yunusobod tumani, Bo‘g‘ishamol ko‘chasi, 232
e-mail: xazratovabbos65@gmail.com

O‘simliklarni mikroklonal ko‘paytirish orqali qishloq xo‘jaligida foydalanish, o‘sishi va rivojlanishi biroz qiyin bo‘lgan o‘simlik turlarida qo‘llash. Bu usul urug‘lar va qalamchalar bilan an‘anaviy ko‘paytirishga nisbatan bir qator afzalliklarga ega: 1. genetik jihatdan bir hil hosil olish, ekish materiallari; 2. virusli, zamburug‘li, bakterial va boshqa infeksiyalarning patogenlarini yo‘q qilish orqali o‘simliklarni tubdan yaxshilash; 3. ko‘paytirishning yuqori tezligi va ko‘p miqdorda ekish materialini tez ishlab chiqarish; 4. yil davomida ishni bajarish imkoniyati.

O‘zining xususiyatlariga ko‘ra o‘simliklarni mikroklonal ko‘paytirish o‘rmonchilik va bog‘dorchilik sohalarida o‘ziga xos muammolarini hal qilish uchun mos keladi: 1. seleksionerlar tomonidan olib kelingan yangi o‘simliklar uchun ekish materialini olish; 2. rivojlanish tezligini oshirish; 3. ko‘paytirish qiyin bo‘lgan o‘simliklarni an‘anaviy usullar bilan ko‘paytirish; 4. sog‘lom o‘simlik materialini olish.

Acer platanoides L. turi urug‘lari yordamida nisbatan yaxshi ko‘paytirish to‘g‘risidagi mavjud ma’lumotlarga qaramasdan, ushbu turni shaharlarni ko‘kalamzorlashtirishda foydalanishga imkon beradigan katta miqdordagi kuchatlarini olish biroz qiyin. Shuning uchun *Acer* L. turi uchun mikroko‘paytirish usullari ishlab

chiqilgan va optimallashtirilgan. Ko‘paytirishning boshqa usullari – urug‘lardan foydalanish va vegetativ ko‘paytirishda ekish uchun kuchatlar olish biroz qiyin hisoblanadi.

Shunday qilib, *A.platanoides* Crimson King (*Acearceae Juss*.) turining mikroklonal ko‘paytirish usulida eksplant sifatida lateral kurtaklardan foydalanganimizda, sterilizatsiya qiluvchi vositalar sifatida Belizna, propikonazol (Agrotilt), fludioksonil (Agrotilt) fungitsidi, (Maksim) preparati va Tween 20 eksplantlarni sterilizatsiya qilishda ishlatilganda yaxshi natijaga erishildi. Ozuqaviy muhit sifatida McCown Woody Plant Medium (WPM - Woody Propagation Media, M0220), gormonsiz yoki 6-benzilaminopurin fitogormoni qo‘shilganda boshqa ozuqa muhitlariga qaraganda natijasi yaxshi bo‘ldi va keyinchalik hosil bo‘lgan yetuk o‘simlik tuproq sharoitiga adaptatsiya qilinadi.

Ushbu tadqiqotlar 2024-yilda O‘zbekiston Respublikasi Fanlar akademiyasi Botanika instituti huzuridagi akad. F.N.Rusanov nomidagi Toshkent botanika bog‘ida “Botanika bog‘i kolleksiyasining qimmatli namunalarini *in vitro* sharoitida barqaror ko‘paytirish bo‘yicha ilmiy asoslarni ishlab chiqish” bo‘yicha Davlat dasturi doirasida amalga oshirildi.

КАЛЛУСОГЕНЕЗ В *IN VITRO* КУЛЬТУРЕ ХЛОПЧАТНИКА

Имамходжаева А.С., Убайдуллаева Х.А., Усманов Д.Э., Буриев З.Т.

Центр геномики и биоинформатики АН РУз
Узбекистан, Ташкентская область, Кибрайский район, ул. Университетская, 2
e-mail: info@genomics.uz

Применение методов биотехнологии, генетической инженерии, в том числе и генетической трансформации, дало возможность интенсивно и в относительно короткие сроки создать новые генотипы - первичный материал будущих сортов сельскохоз культур с целевыми характеристиками. И почти во всех методах трансформации присутствует стадия культивирования тканей *in vitro* и регенерация растений из недифференцированных тканей и клеток. Благодаря

тому, что среди всего разнообразия видов, у хлопчатника есть генотип, обладающий высокой способностью к регенерации и морфогенезу (сорт Coker), скрость получения трансформантов этой культуры очень высока.

Нами проводятся работы по реконструкции метаболического пути биосинтеза артемизинина и его предшественников методом внедрения векторных конструкций и их последующей экспрессии в тканях хлопчатника. Цель нашей работы состояла в получении трансформантов, в геноме которых должна присутствовать целевая векторная конструкция. Материалом для исследований служили проростки хлопчатника Coker-312 и клетки агробактерии, трансформированные тремя видами разных по размеру конструкций.

На концы фрагментированных гипокотилей капали среду PIM, содержащую агробактерии, и инкубировали их в темном помещеним для индукции каллусогенеза, а затем переносили в условия, где после 3-4 пассажей на эксплантах наблюдали разные вариации окраски и рыхлости каллусных тканей. Сначала однородные плотные, а затем рыхлые зеленоватые и бурые ткани. Клетки в каллусах были на разных стадиях развития, неэмбриогенные каллусы росли медленно, были компактными, светло-коричневого или темно-зеленого цвета, стали коричневыми и недифференцировавшись погибали.

Нами наблюдена зависимость процента каллусогенеза от размера вектора. Наибольший процент выживаемости эксплантов (73,33 **%)** наблюдался при использовании агробактериальной трансформацией с самой лёгкой из трех конструкций. Соответственно, при трансформацией гипокотилей агробактерией, несущей самую большую из них векторную конструкцию, процент выживаемости эксплантов был 61,1 %. 72,22 % выживаемости - для трансформацией агробактерией, в которой находилась средняя по размеру генонтструкция.

На основе этого было сделано заключение, что при одинаковых условиях инкубации на процесс пролифирации влияло использование агробактерий с разной по размеру и составу генетической касеты. Исследования продолжаются. Проводится оценка качества трансформации и наличие в геноме регенерантов – T_0 хлопчатника целевых генов.

MAHALLIY TOK EKSPLANTLARINI *IN VITRO* SHAROITIDA KO‘PAYTIRISH UCHUN STERILIZATSIYA USLUBLARINI ISHLAB CHIQISH

Abdullaev A.N., Abdullaev S.A., Bolkiyev A.A.,
Yusupov H.N., Babadjanova F.I., Ubaydullaeva X.A.

O‘zR FA Genomika va bioinformatika markazi
O‘zbekiston, Toshkent viloyati, Qibray tumani, Universitet ko‘chasi, 2
e-mail: adhamnomozovich@gimail.com

Bugungi kunda sifatli uzum iste’mol qilish va yetishtirish qishloq xo‘jaligining muhim massalalaridan biridir. Shu bois tok o‘simligini *in vitro* sharoitida ko‘paytirish muammoning ayni yechimi hisoblanib, soxada ushbu usul nafaqat sifatli uzum yetishtirish, balki virusli kasalliklardan holi ko‘chatlarni ko‘paytirish ananaviy ko‘chatchilikdan farqi *in vitro* usuli steril toza muhitda o‘sishi xisoblanadi. Issiqxona va dala sharoitidan keltirilgan o‘simlik eksplantlari nazorat variantida (nazorat T-1), eksplantlarni suvda yuvib olindi, so‘ng 5 % xloraminda 10 minut davomida ushlab turildi va 0.1 % xloraminda qo‘shimcha 10 min va oxirgi bosqichda distillangan suvda 5 daqiqa davomida ushlab turildi. Ammo ushbu muhitda apikal meristemalar 98 % gacha zararlanishi kuzatildi va sterillangan eksplantlarda esa epidermis qatlami bir oz kuyishi xisobiga qorayish kuzatildi.

T-2 tajribada 92 % nosteril eksplantlar olindi, sterillash muhitiga faqatgina diatsid qo‘shilishi salbiy natija berdi. T-3 muhitda 0.1 % natriy gipoxlorit 20 min davomida o‘simlikni ushlab turish 27 % gacha steril eksplantlar olishga erishildi. Steril

muxitda o‘simlik eksplantlarini ushlab turish davomiyligini xam sezilarli ta’siri kuzatildi. T-4 muhitida 30 % gacha steril eksplantlarni olish 0.1 % xloraminda 20 min davomida ushlab turish orqali erishildi. Shuningdek T-5 tajriba muhitida faqatgina 10 % kaltsiy gipoxlorid 81 % nosteril eksplantlar olinib, olingan 19 % steril eksplantatlarida epidermis qismini kuyishi oqibatida sun’iy ozuqa muhitida nekrozga uchrashi kuzatildi. Tajribaning T-6, T-7, T-8, T-9 variantlarida ham turlicha farqlar kuzatildi. Eng yuqori ko‘rsatkich T-10 muhitida (68 %), ya’ni olib kelingan eksplantlarni 30 sekund davomida 70 % S_2N_5ON, 0.1 % diatsidda 10 minut, qo‘shimcha 1.0 daqiqa antibiotikda va 5.0 minut davomida 3.0 martta suvda yuvilgan variantda kuzatildi. Ushbu muhit barcha mavsum davomida ijobiy natija berib, ayniqsa bahorning namligi yuqori bo‘lgan mavsumga xam mosligini ko‘rsatdi.

CAPPARIS SPINOSA ЎСИМЛИГИ УРУҒЛАРИНИ *IN VITRO* ГА ҚИРИТИШ

Қурбонов К.Ч., Абдирахимова С.Ш., Зиявитдинов Ж.Ф.

ЎзР ФА академик О.С.Содиқов номидаги Биоорганик кимё институти
Ўзбекистон, Тошкент шаҳар, Мирзо Улуғбек кўчаси, 83
e-mail: info@biochem.uz

Тиканли ковул (кавар)- *Capparis spinosa* L. (Capparaceae) Республикамизнинг турли минтақаларида табиий ҳолда ўсувчи истиқболли, доривор, озиқ-овқат, ем-хашак, бўёқбоп, эфирмойли, асал ширали, термоксерофит тур ҳисобланиб алоҳида эътиборга лойиқ, унинг республикамиз адир минтақасидаги ўсимликлар қопламидаги тутган ўрнини, биологик хусусиятларини ўрганиш, популяциялар ҳолатини баҳолаш, маданийлаштириш йўлларини ишлаб чиқиш, хом-ашёсини ва уни йиғишни илмий асосда олиб бориш муҳим илмий аҳамиятга эга.

Тиканли ковул қадим замонлардан бери озиқ-овқат ёки зиравор сифатида қўланилган. Бундан ташқари, бир қатор биоактив бирикмалари

этнофармакология, тиббиёт ва косметикада фойдали ва самарали хусусиятга эгалиги туфайли ишлатилган.

C.spinosa таркибида кўп миқдорда антиоксидант биофлавоноидлар мавжуд. Ушбу флавоноидларнинг инсон организми учун аҳамияти уларнинг турли хил доривор хусусиятлари, жумладан яллиғланишга қарши, вирусга қарши, антиоксидант ва саратонга қарши хусусиятлари билан боғлиқ. Флавоноидлардан кўп учрайдиган рутин ва қуерсетинлар шифобахш ҳусисиятлари туфайли фойдалидир.

Ушбу турнинг уруғлари табиий шароитда ёмон униб чиқади. Илмий адабиётларда ковул уруғларининг кам униб чиқишини учта турдаги: физиологик тиним даври (PD), жисмоний тиним даври (PY)-сув ўтказмайдиган уруғ пўсти мавжудлиги ва комбинацияланган тиним даври (PY+PD) лари таъсир кўрсатиши билан боғлашади.

ЎзР ФА Биоорганик кимё институтида Жанубий Оролқум ҳудудида тарқалган шўрланишга чидамли ўсимликларни *in vitro* шароитида микроклонал кўпайтириш ишлари ҳамда *C. spinosa* нинг уруғидан ва эксплантлардан кўпайтириш бўйича илмий тадқиқотлар олиб борилмоқда. *C. spinosa* истиқболли ўсимлик сифатида микроқаламчалар орқали кўпайтириш катта иқтисодий натижа бериши мумкин. C. spinosa ўсимлигинини культурага киритишнинг илғор технологияларини яратиш, бунинг учун энг мақбул озуқа муҳитлари ва ўсиш регуляторлари меъёрини қисқа вақтларда аниқлаш, стериллашнинг вақти ва мақбул меъёрларини тавсифлаш ва уларнинг биоколлекциясини яратиш зарур бўлган илмий тадқиқотларимиздан биридир.

C. spinosa ўсимлиги уруғларини экишдан аввал, уруғлар термостатга 1 соат давомида 40 ℃ ҳароратда қиздириб олинди, шундан сўнг NaCl билан ишлов берилди ва кейин уруғлар 5-10 дақиқа давомида 72 % кир совунининг 2 % эритмасида солинди. Кейинги ишимизда уруғлар Гипохдорид натрийнинг 19 % ли эритмасида 10 дақиқа қолдирилди. Сўнгра етил спиртининг 70 % ли эритмасида 1-2 дақиқа солинди. Кейин водород пероксиднинг 30 % ли

эритмасида 15 дақиқа қолдирилди. Шундан сўнг, стерилланган сувда 10 дақиқа давомида ювиб ламинар боксга стерил шароитга ўтказилди. Кейинги жараёнлар ламинар боксда давом этиррилди. Ламинарда ўсимлик уруғлари водород пероксиднинг 30 % ли эритмасида 15 дақиқа давомида ушлаб турилади. Кейин стерилланган сувда 5 дақиқа давомида икки марта ювилди. Сўнгра ўсимлик уруғлари пўсти скалпел билан кесиш орқали скарификация қилинди ва озуқа муҳитга экилди.

C. spinosa уруғлари дастлаб Мурасиге–Скуга (МС) муҳит асосли модификацияланган озуқавий муҳитда мослашиш жараёнлари кузатилди. Барча ривожланиш индукцияси МС озуқа муҳитининг гормонсиз вариантларида олиб борилди. Озуқа муҳитига ўтказилган жами 50 та уруғдан 30 таси униб чиқди: 3 тасида *in vitro* шароитига яроқсиз ҳолатдаги инфекция аниқланди. Уруғларнинг яроғлик ҳолати асептик шароитда - 40 %, зарарланиш – 5 % ни ташкил этди.

РАЗВЕДЕНИЕ ВИДОВ РОДА *DOREMA* МЕТОДОМ *IN VITRO*

Мирзаолимова М.М.[1], Жамалова Д.Н.[2]

[1]Наманганский государственный университет
Узбекистан, Наманганская область, г. Наманган, улица Уйчи, 316
e-mail: mohizar_95@mail.ru
[2]Институт ботаники АН РУз
Узбекистан, Ташкент, Мирзо-Улугбекский р-н, ул. Дурмон Йули, 32
e-mail: dilafruz.bel.91@mail.ru

Одной из задач представленного исследования являлось использование разработанных нами систем микроразмножения редких и эндемичных видов рода *Dorema*, произрастающих на территории Узбекистана, для введения в культуру *in vitro*. Данный метод успешно протестирован и широко применяется с целью размножения лекарственных видов растений не только для покрытия нужд фармацевтической промышленности, но и с целью сохранения и восстановления исчезающихтприродных популяций. Микроклональное размножение позволяет поддерживать в коллекции *in vitro* эксплантаты редких растений. В связи с этим

были проведены работы по выявлению особенности ввода в стерильные условия с помощью семян двух видов рода *Dorema* Don встречающиеся на территории Узбекистана. Первоначальная проверка жизнеспособности семенного материала, а также ввод в культуру *in vitro* производились по общепринятым методикам.

По своему ареалу *Dorema* представляет собой типичный ирано-туранский род, его ареал не выходит за пределы Ирана, Афганистана, Западного Пакистана, Средней Азии и Южного Закавказья. Во флоре Узбекистана этот род насчитывает всего 2 вида: *D. microcarpum* Korov. и *D.sabulosum* Litv. Объектом исследования послужили оба вышеуказанные виды, первый из которого внесен в Красную книгу Республики Узбекистан имеющий 2 статус редкости, второй вид также является редким эндемиком территории.

Большинство работ по микроклонированию многих видов семейства Apiaceae проводятся на питательной среде Мурасига-Скуга путем формирования каллуса из корней проростков, гипокотиля, котиледона, а также соматического эмбриогенеза.

Самый ранний видимый признак роста каллуса на корневых эксплантах был заметен между 7 и 12 днями инкубации, в то время как образование каллуса на эксплантах семядолей не наблюдалось. У гипокотильях каллусы образовывались на базальных частьях, тогда как у корневом экспланте каллусы образовывались по всей поверхности корня.

Каллус из корневых эксплантов был белым и водянистым с гладкой поверхностью, а затем становился коричневым, в то время как каллус, полученный из сегментов гипокотиля, становился мягким или рыхлым, желто-коричневого или кремового цвета и узловатым. После 2–3 пассажа, вследствие интенсивной пролиферации, образовывались хорошо развитые каллусы, которые состояли из однородной, более или менее рыхлой, светлой (от светло- желтой до светло-зеленой) ткани морфогенного типа.

Установлен состав питательных сред для каллусо-образования в культуре in vitro корневых и гипокотильных эксплантов *D. microcarpum*. Среди 100 различных обработок регуляторами роста, которые применялись к эксплантам, только ограниченное число обработок привело к каллусогенезу и соматическому эмбриогенезу. Результаты этого эксперимента показывают, что обработка 2,4–Д (0,5 мг/л) + Кин (0,5 мг/л) приводило к наибольшему проценту каллусогенезу. Образование каллуса увеличивалось с добавлением ТДЗ (0,5 мг/л) в регенерационной среде.

ВЛИЯНИЯ ПРЕПАРАТОВ ПРИРОДНОГО ПРОИСХОЖДЕНИЯ В УСЛОВИЯХ ЗАСОЛЕНИЯ НА СОДЕРЖАНИЕ ФИТОГОРМОНОВ В ХЛОПЧАТНИКЕ

Кулдошова К.М., Ахунов А.А., Хашимова Н.Р., Бабаева Д.Т., Ишимов У.Ж.

Институт биоорганической химии имени академика О.С. Содикова АН РУз
Узбекистан, г. Ташкент, ул. Мирзо Улугбека, 83
e-mail: zarabarlos90@bk.ru

Целостность растительного организма, его устойчивость к неблагоприятным условиям внешней среды обеспечивается различными системами регуляции, в том числе и гормональной. Регуляторы роста оказывают разностороннее действие на растения. Они участвуют в регуляции деления, роста и дифференцировки клеток, обеспечивают поддержание гомеостаза, создают условия для приспособления растений к различным стрессовым условиям окружающей среды.

АБК, гормон стресса растений, уже давно считается важным сигнальным посредником для регулирования различных процессов развития растений, а также адаптивных реакций на широкий спектр абиотических стрессов.

ИУК играет важную роль в регулировании роста и развития растений. Его накопление хорошо коррелирует с образованием новых органов растений.

Например, он существенно способствует развитию сосудистой ткани, удлинению клеток, органогенезу и апикальному доминированию за счет максимального накопления ауксина.

В связи с вышесказанным проведено исследование влияния природного стимулятора ДАГ-1 на содержание АБК, ИУК в хлопчатнике сорта Порлок-7 в модельных условиях засоления, с целью выяснения роли фитогормонов в регуляции устойчивости к условиям засоления.

Объектами исследования являлись биотехнологические сорта хлопчатника – Порлок-7. Семена были предоставлены Центром геномики и биоинформатики АН РУз. Стимулятор ДАГ-1 на основе глицирризиновой кислоты (супромолекулярный комплекс глицирризиновой и салициловой кислот) из корней солодки *Glycyrrhirza glabra* L. был разработан в Институте биоорганической химии АН РУз.

Необходимо было выяснить, как обработка семян хлопчатника сорта Порлок-7 препаратом ДАГ-1 повлияла на содержание исследуемых фитогормонов в нормальных условиях и в условиях 100 мМ хлоридного засоления. Проведенное исследование показало, что при нормальных условиях соотношение ИУК и АБК было в пользу ИУК, которое свидетельствовало об интенсивности ростовых процессов в побегах хлопчатника. На фоне солевой нагрузки происходило снижение содержания ИУК в 2,5 раза по сравнению с контролем.

Анализ содержания АБК на фоне солевой нагрузки показал не значительное повышение (1,2 раза) от уровня контроля. При обработке семян хлопчатника препаратом ДАГ-1 в 7-суточных проростках наблюдали возрастание содержания АБК в 2,8 раза по сравнению с контролем. При совместном воздействии ДАГ-1 +100 мМ NaCl содержание АБК было почти на уровне контроля.

Таким образом, исходя из полученных результатов, препарат ДАГ-1 при обработке семян хлопчатника Порлок -7 оказывает умеренное действие на баланс фитогормонов ИУК и АБК в условиях засоления. Полученные результаты предполагают, что ИУК более активно вовлекается в адаптивные процессы негативному воздействию хлоридного засоления, которые связаны с накоплением редуцирующих сахаров. Препарат ДАГ-1 способствовал сохранению уровня ИУК в условиях солевого воздействия на том уровне, которое отмечалось в условии отсутствия засоления, в то время как уровень АБК оставался на уровне контроля. Низкое содержание АБК вероятно связано с тем, что ДАГ-1 смягчает воздействие солевого стресса, при котором поглощение CO_2 происходит интенсивнее за счет раскрытия устьичной щели регулируемое АБК.

PETAZA SEKRETSIYASINI KUCHAYTIRISH VA PLASTIK CHIQINDILARNI KAMAYTIRISH UCHUN *E. COLI* MUHANDISLIGI

Turdiyeva N.B.[1,2], Kadirova Z.A.[1], Xalilov I.M.[2], Nazirov M.M.[2]

[1]Mirzo Ulug‘bek nomidagi O‘zbekiston Milliy Universiteti
O‘zbekiston, Toshkent shahar Olmazor tumani Universitet ko‘chasi, 4
[2]O‘zR FA Mikrobiologiya instituti
O‘zbekiston, Toshkent, A. Qodiriy ko‘chasi, 7b
e-mail: turdiyevanilufar67@gmail.com

Polietilen tereftalat (*PET*) butun dunyoda plastik mahsulotlar ishlab chiqarishda keng qo‘llaniladi. *PET* ning atrof-muhitda to‘planishi va uning parchalanishi uchun juda uzoq vaqt ketganligi sababli global muammoga aylandi. Biroq, 2016 yilda Yoshida va boshqalar tomonidan *PET* plastmassasini parchalash qobiliyatiga ega *Ideonella sakaiensis* 201-F6 bakteriyasi topildi. Ushbu shtamm *PET* da o‘stirilganda undan asosiy energiya va uglerod manbai sifatida foydalanib, *PETaza* fermentini ishlab chiqaradi. Bu ferment *PET* ni ikkita ekologik xavfsiz monomerga: tereftalik kislota (*TPA*) va mono(2-gidroksietil) tereftal kislota (*MHET*)ga aylantiradi. Ushbu tabiiy *PET*

ning degradatsiya jarayoni plastik chiqindilar muammosini kamaytirishga yordam beradi.

Ushbu tadqiqot *E.coli* da rekombinant *PETaza* fermentini hujayradan tashqariga sekretsiyasini amalga oshirishda signal peptidlardan foydalanish va ferment miqdorini oshirishga qaratilgan.

Prokariotlarda signal peptidlari 16 tadan 30 ta gacha aminokislotalar ketma-ketligidan iborat bo‘lib, sintezlangan oqsilni hujayra membranasida mavjud bo‘lgan *Sec* va *YEG* oqsil o‘tkazuvchi kanallariga yo‘naltiradi va hujayradan chiqishiga imkon beradi. Signal peptidlar, odatda, oqsilning N-qismiga birikkan holda bo‘ladi. Ushbu peptidlardan foydalanish hosil bo‘lgan oqsilni tuzilishiga zarar yetishidan va uning faolligini pasayishidan saqlaydi. Oqsil kulturaga chiqqach maxsus fermentlar yordamida ushbu signal peptidlari olib tashlanadi. *Escherichia coli* bakteriyasida hujayradan tashqari rekombinant oqsillarni olishda bir nechta signal peptidlardan foydalaniladi. Bulardan *pelB, ompA, phoA, SPSurA, SPDsba, SPTolB, malE, lamB* va *ompC* kabilar maqsadli oqsillarning sekretsiyasini yaxshilashga yordam beradi. Ular orasidan *Sec*-ga bog‘liq translokatsiya signal peptidi-*pelB* o‘rganilib *FAST-PETazaning* 5 ta o‘ziga xos aminokislotalar ketma-ketligi o‘zgartirilgan mutant formasiga biriktirildi. So‘ngra ushbu ketma-ketlik *pSEVA234* plazmidalariga kiritildi. Yaratilgan konstruksiya *E.coli* ning *NEBExpress* shtammiga klonlandi va oqsil sintezlashi o‘rganildi. Hosil bo‘lgan kultural suyuqlik affin xromatografiya orqali tozalandi va Western blotting orqali tekshirildi. Ajratilgan ferment faolligi p-nitrofenil asetatning (4-*pNPA*) gidrolizini spektrofotometrik tarzda aniqlash orqali o‘lchandi. Olingan natijalarga ko‘ra rekombinant *PETazani* hujayra tashqarisiga sekretsiya bo‘lganligi aniqlandi.

Keyingi tadqiqotlar davomida hujayra tashqarisiga sekretsiya bo‘ladigan rekombinant *PETaza* miqdorini oshirish va tabiiy ravishda kultural suyuqlikka ferment ajratadigan shtamm yaratish ustida tajribalar olib boriladi.

EFFECT OF “RAKOGUMIN” BIOPREPARATION ON SOIL MICROBIOTA

Zakiryaeva S.I.[1], Allakuliev B.J.[2]

[1]Institute of Microbiology of the Academy of Sciences of the Republic of Uzbekistan
A. Qadiri Street 7B, Shaikhontohur District, Tashkent, Uzbekistan
[2]Scientific Research Institute of Cotton Selection, Seeding and Cultivation Agrotechnologies
Universitet street, Salar Kurgani, Qibray district, Tashkent region, Uzbekistan
e-mail: szakiryaeva@gmail.com

The total number of microorganisms in the soil indicates the intensity of biochemical processes occurring in it. At the same time, the soil is characterized not only by the composition and amount of different groups of biota, but also by the general activity, as well as the activity of biochemical processes associated with the presence of a certain reserve of enzymes released as a result of the vital activity of plants and microorganisms in the soil and accumulated after the death of cells. Soil fertility is formed under the influence of a complex of natural and anthropogenic factors, among which the activity of microorganisms is of great importance.

In this regard, the aim of our research is to study the effect of “Rakogumin” biopreparation used in cotton cultivation on soil microbiota.

Generally accepted methods in soil microbiology were used for microbiological analysis of soil samples. In order to study the effect of the drug “Rakogumin” on soil microflora, soil samples were taken from the soil surface, 0-10, 0-15, 0-20 and 0-25 cm deep.

As a result of the conducted microbiological analysis, it was found that the amount of ammonifying bacteria in 1 gram of soil in the control soil sample was $5.1x10^7$ CFU/g. It was observed that the amount of ammonifying bacteria was in the same order in all the soil samples taken from different soil layers where “Rakogumin” biopreparation was used, it was $3.6\text{-}1.0x10^7$ CFU/g in 1 gram of soil. *Bacillus subtilis*, *B. indicus* and *Micrococcus luteus* were found in the control soil sample. *B. mycoides*,

B. endophyticus and *M. luteus* were found in the sample taken from the 0-10 cm soil layer where “Rakogumin” biopreparation was used, *M. luteus* species in the 0-25 cm soil layer, *B. subtilis* and *B. atrophaeus* in the 0-20 cm soil layer. *Micrococcus luteus* was found to be the dominant species in the studied soil samples.

The amount of phosphorus-decomposing bacteria in 1 gram of soil was $1.5\text{-}3x10^5$ CFU/g in the sample taken from the 0-25 cm soil layer where “Rakogumin” biopreparation was used. *Saccharomyces cerevisiae* belonging to the *Saccharomyces* genus of yeast bacteria was found and their amount was $1x10^4$ CFU/g.

Oligonitrophilic microorganisms were found in the same order ($6.0\text{-}1.2x10^5$ CFU/g) in all analyzed soil samples, and in the 0-25 cm soil layer where “Rakogumin” biopreparation was used, their amount was one order less ($6.7x10^4$ CFU/g). observed.

The studied soil samples were not only rich in actinomycetes, but also contained different types of these microorganisms. The amount of actinomycetes was $1.6x10^5$ CFU/g in 1 gram of soil in the control, and $8\text{-}1.4x10^4$ CFU/g in the samples taken from all soil layers where “Rakogumin” biopreparation was used. The amount of microscopic fungi was found in the same order (10^4 CFU/g) in the analyzed soil samples. Fungi belonging to the genera *Aspergillus*, *Penicillium*, *Alternaria* and *Fusarium* were found in the studied soil samples.

Thus, the results of the microbiological analysis of the soil showed that the microflora of the soil has reached a deficient state, that is, the amount of beneficial microorganism groups in the soil is low. It was observed that the biopreparation “Rakogumin” used in the cultivation of the Bukhara-102 variety of cotton did not have a negative effect on the soil microbiota and served to maintain the total amount of ammonifying bacteria in the same order. Taking this into account, it is desirable to look for measures to enrich the soil with useful microorganisms and to obtain high yields from the crops planted on the ground.

IV. BIOFIZIKA, BIOKIMYO VA MIKROBIOLOGIYANING DOLZARB MUAMMOLARI

VINKANIDIN YOD METILAT INDOL ALKALOIDINING VAZOAKTIV TA’SIRINI BAHOLASH

Ibragimov E.B.[1], Zaripov A.Z.[1], Jumaev I.Z.[1],
Usmanov P.B.[1], Adizov Sh.M.[2]

[1]O‘zMU huzuridagi Biofizika va biokimyo instituti
O‘zbekiston, Toshkent sh., Olmazor tumani, talabalar ko‘chasi, 174
[2]O‘zR FA O‘simlik moddalar kimyosi instituti
O‘zbekiston, Toshkent sh., Mirzo-Ulug‘bek t., Mirzo Ulug‘bek shoh ko‘chasi, 77
e-mail: eldor.ibragimov1215@gmail.com

Gipertenziya bilan bog‘liq yurak qon-tomir kasalliklari bugungi kunda insonlar o‘limiga sabab bo‘luvchi omillar orasida yuqori o‘rinlarni band qilib kelmoqda. Shu sababdan gipertenziyaning oldini olish va davolash tibbiyot hamjamiyatining ustuvor vazifalaridan biri hisoblanadi. Ushbu qon tomir tizimi kasalliklarini davolashda o‘simliklardan ajratib olingan alkaloidlar istiqbolli manbalar hisoblanadi. Jumladan, indol alkaloidlari kardiovaskulyar terapiya amaliyotida keng foydalanilmoqda. Shu sababdan vinkanidin indol alkaloidining konsentratsiyaga bog‘liq vazoaktiv ta’sirini o‘rganish maqsadida tajribalar o‘tkazildi.

Tajriba yacheykasida doimiy ravishda quydagi takibdagi Krebs-Xenzeleyt eritmasi (mM hisobida): NaCl – 118; KCl – 4,8; $MgCO_4$ – 1,2; KH_2PO_4 – 1,2; $CaCl_2$ – 2,5; $NaHCO_3$ – 25; glyukoza – 11; (pH=7,4) bilan sirkulatsiya qilindi. Harorat doimiyligi (t=37+0,5 ^oC) U-8 ultratermostati orqali ta’minlandi. Aorta qon tomir prepratini qisqarish faolligi qayd qilib borishda, kuchlanish sensori FT 03 qayd qilinib, undan P11T (Grass Technologiy Ins. USA) signal kuchaytirgichga uzatildi va kompyuterda mahsus programma yordamida yozib olindi.

Tadqiqotlarda 50 mM KCl bilan chaqirilgan aorta qon tomir preparati qisqarish kuchiga vinkanidin yod metilat indol alkaloidining konsentratsiyaga bog‘liq (5 – 125 mkM) bo‘shashtiruvchi ta’sir ko‘rsatishi aniqlandi. Yani, 5 mkM konsentratsiyada KCl

bilan yuzaga keltirilgan aorta qisqarish kuchini nazoratga nisbatan 11,8±4,1 % ga susaytirgan bo‘lsa, maksimal 125 mkM konsentratsiyada aorta qisqarish kuchini nazoratga nisbatan 79,7±3,4 % ga kamaytirishi kuzatildi.

Xulosa qilib aytganda ushbu olingan natijalar vinkanidin yod metilat alkaloidining bo‘shashtiruvchi ta’siri qon tomir silliq muskul hujayralari plazmalemmasida joylashgan potensialga bog‘liq Ca^{2+}-kanallarini bloklanishi bilan bog‘liq bo‘lishi tahmin qilindi.

EKSPEREMENTAL ALSGEYMER MODELI HAYVONLAR LAKTATDEGIDROGENAZA FERMENTLARINING FAOLLIGINI O‘RGANISH

Ikromov S.A.[1], Mustafakulov M.A.[1], Saatov T.S.[1], Raximov R.N.[2]

[1]O‘zMU huzuridagi Biofizika va biokimyo instituti
O‘zbekiston, Toshkent sh., Olmazor tumani, talabalar ko‘chasi, 174
[2]A.S. Sodikov nomli bioorganik kimyo ilmiy tadqiqot instituti
O‘zbekiston, Toshkent sh., Mirzo Ulug‘bek tumani, Mirzo Ulug‘bek xiyobon, 83
e-mail: sirojidin.2020.ikromov@mail.ru

Neyronegenerativ holatlarda aldolaza va geksokinaza faolligi ham o‘zgarishi qator tajribalarda ham o‘z aksini topgan. Alsgeymer kasalligida glyukoza-6-fosfat degidrogenaza faolligi gipokampda sezilarli darajada kamayadi. Bir nechta glikolitik fermentlarning faolligi ortishi bosh miyaning frontal va temporal korteks gomogenatlarida laktatdegidrogenaza va glial fibrilyar kislotali oqsil (GFAP) darajasining oshishi va miyaning bir xil mintaqalaridagi astrositlarda fosfofruktokinaza (PFK) va GFAP ning ortishi bilan bog‘liq. Astrositik glikogen asab tizimiga gipoglikemik zarar etkazilishi natijasida laktatga aylanadi. AK bilan og‘rigan bemorlarda ba’zi glikolitik fermentlarning genlari va katalitik faolligi o‘zgaradi. Xuddi shunday, amiloid ishlab chiqarishning ko‘payishi va asab hujayralari atrofiyasi mitoxondriyal disfunktsiyani keltirib chiqarishi ko‘rsatilgan.

Tadqiqotning maqsadi: Alsgeymer hayvonlar qoni va bosh miya to‘qimasidagi laktatdegidrogenaza fermentlarining faolligini o‘rganishdan iborat.

Tadqiqotlar O‘zbekiston Milliy universiteti huzuridagi Biofizika va biokimyo instituti Metabolomika laboratoriyasi qoshidagi vivariyda oq kalamushlarda olib borildi. Tajribalarda jami 24 ta 324±16 g kalamushlardan foydalanildi. Tadqiqotlar sanitariya qoidalari va laboratoriya hayvonlariga insoniy munosabatda bo‘lish standartlari va Xelsinki Deklaratsiyasi (Butun Jahon Tibbiyot Assotsiatsiyasi, Edinburg, 2000 y.), Xalqaro tibbiy ilmiy jamiyatlar kengashi (CIOMS; the council for international organizations of medical sciences) va eksperimental hayvonlarni saqlash va ularda tadqiqotlar olib borishda xalqaro «Guide for the Care and Use of Laboratory Animals», qoidalariga muvofiq amalga oshirildi. Tadqiqot hayvonlarida Alsgeymer chaqirish uchun neyrotoksin streptozotsindan foydalanildi. Tajriba uchun ajratilgan kalamushlar guruhlarga ajratildi: I guruh – nazorat (n=5), II guruh – tajriba (Alsgeymer, n=6), III guruh - tajriba (Alsgeymer+Beh, n=6), IV guruh- tajriba (Alsgeymer+ Providin, n=6) guruhlarga bo‘lindi. Alsgeymer kasalligining modelini chaqirish uchun streptozotsin 3 mg/kg miqdorda burun orqali in'eksiya qilingandan keyin 14 kun o‘tib, III guruhdagi kalamushlarga 14 kun mobaynida bir haftadan so‘ng, beh (56 mg/kg), IV guruhdagilarga Providin (38 mg/kg) og‘iz bo‘shlig‘i orqali 7 kun davomida peroral yuborildi.

Olingan natijalar shuni ko‘rsatdiki, Laktatdegidrogenaza (LDH) hujayra ichidagi ferment bo‘lib, sut kislotasining piruvatga oksidlanishini katalizlaydi va tananing deyarli barcha hujayralarida mavjud. LDH skelet mushaklari, yurak mushaklari, buyraklar, jigar va qizil qon tanachalarida eng faoldir.

Eksperemental model chaqirilgandan so‘ng, 14 kun o‘tib polifenollar asosida terapiya qilinganda III guruhdagi 14 kun mobaynida o‘simliklardan ajratib olingan polifenollardan beh (56 mg/kg) miqdorda, IV guruhdagilarga Providin (38 mg/kg) og‘iz bo‘shlig‘i orqali 14 kun davomida peroral yuborildi.

Olingan natijalar asosida hayvonlar bioetika bo‘yicha dekapitatsiya qilingandan so‘ng, qon va bosh miya qismlarga ajratilib olindi hamda tajribalar amalga oshirildi. Bosh miya gippokam qismida LDH faolligi Alsgeymer kalamushlarda 1.34 marta ortganligi kuzatildi hamda polifenollar 1.13 va 1.18 martagacha korreksiyalaganligi polifenollarning samarali ta`siri natijasida ro‘y berganligini aniqlandi.

Xulosa, hayvonlarning xulq-atvorlarida o‘zgarishlar bilan bir qatorda qoni va bosh miya to‘qimalarida laktat va piruvat miqdori ham keskinlik model hayvonlarda ortishi kuzatilib, polifenollar asosida korreksiyalanganda laktatdegidrogenza fermentining faolligi biroz bo‘g‘ilib, polifenollar ta`siri sezilarli darajada kamaytirganligi tadqiqotlarimiz natijasidan ko‘rinib turibdi.

ИЗУЧЕНИЕ ЭКСПРЕССИИ ИНСУЛИНОВЫХ РЕЦЕПТОРОВ МОЗГА ЖИВОТНЫХ С МОДЕЛЬЮ СПОРАДИЧЕСКОГО НЕЙРОДЕГЕНЕРАТИВНОГО ЗАБОЛЕВАНИЯ

Ишанходжаев Т.М., Артыкбаева Г.М., Мустафакулов М.А., Саатов Т.С.

Институт Биофизики и Биохимии при НУУз им. М.Улугбека
Узбекистан, Ташкент, Студенческий городок, 174
e-mail: gulnoraar@rambler.ru

В последние годы накоплены многочисленные свидетельства взаимосвязи нейродегенеративных заболеваний (НДЗ) и метаболических расстройств. Обнаружено, что нарушение секреции инсулина и его сигнальных путей являются общими механизмами для НДЗ и сахарного диабета 2 типа (СД 2) и провоцируют окислительный стресс, воспалительные процессы и накопление β-амилоида. Однако остается неясным, является ли НДЗ и, в частности, болезнь Альцгеймера (БА) непосредственной причиной нарушений углеводного обмена или ассоциация деменции с развитием СД 2 обусловлена сочетанием БА с классическими факторами риска гипергликемии и возникновением инсулинорезистетности.

Принимая во внимание приведенные выше данные, целью работы было исследование состояния инсулиновых рецепторов (IR) в различных срезах мозга крыс с моделью спорадического НДЗ.

Для воспроизведения спорадической модели НДЗ общепринятая методика создания модели введением нейротоксина была изменена и дополнена в нашей модификации. Спорадическую модель НДЗ с симптомами Альцгеймера вызывают обычно введением стрептозоцина в дозе от 1 мг до 3 мг на кг веса интрацеребревентрикулярно однократно или в течение трех дней. Мониторинг за воспроизведением модели производили еженедельно, измерением веса животных, поведенческих тестов (Открытое Поле, Условная реакция пассивного избегания, Условная реакция активного избегания, тест «Морриса») и определением отдельных биохимических параметров: уровня глюкозы, инсулина, липидов и холестерина. После достижения среднего уровня глюкозы в крови 7-8 мМ экспериментальной группе животных интраназально в липосомах вводили в течение недели стрептозоцин в дозе 3 мг на кг веса.

Кормление животных в течение трех месяцев атерогенной диетой вызывает следующие изменения в признаках поведенческой активности: заторможенность реакции и увеличение латентного периода, уменьшение числа переходов и пересеченных квадратов, снижается норковый рефлекс по сравнению с группой интактных животных. В группе животных с введением стрептозоцина наблюдаются более глубокие изменения в исследованных параметрах поведенческой активности в сравнении с группой животных активного контроля. Также наблюдается увеличение латентного периода, животные долго останавливаются на одном месте, а при передвижении скорость заметно снижается и уменьшается норковый рефлекс, вероятно, из-за общей заторможенности.

Изменение в экспрессии инсулиновых рецепторов после введения стрептозоцина было изучено в различных зонах мозга. В срезах гиппокампа до и после введения стрептозоцина наблюдается незначительное снижение уровня инсулиновых рецепторов на 7 % и на 11 % соответственно относительно интактной группы животных. В срезах стриатома эти изменения также незначительны за исключением показателей в обонятельной луковице, которые снизились до и после введения стрептозоцина на 13 % и 17 %, соответственно.

Таким образом, результаты исследования свидетельствуют о том, что высококалорийная - атерогенная диета и введение стрептозоцина не оказывает заметного влияния на экспрессию инсулиновых рецепторов и не может быть причиной инсулинорезистетности. Очевидно, в нашем случае, изменение других компонентов сигнальной системы инсулина и переносчиков глюкозы вызывают возникновение инсулинорезистетности.

VINKANIN VA PIROZALIN INDOL ALKALOIDLARINING MIOKARD K_{ATF}-KANALLARIGA TA’SIRI

Jumaev I.Z.[1], Boboev S.N.[1], Usmanov P.B.[1], Adizov Sh.M.[2]

[1]O‘zMU huzuridagi Biofizika va biokimyo instituti
O‘zbekiston, Toshkent sh., Olmazor tumani, Talabalar ko‘chasi, 174
[2]O‘zR FA O‘simlik moddalar kimyosi instituti
O‘zbekiston, Toshkent sh., Mirzo Ulug‘bek t., Mirzo Ulug‘bek shoh ko‘chasi, 77
e-mail: *inoyat8585@mail.ru*

Ma’lumki, ko‘pgina kardiovaskulyar patologiyalar ATF bogliq kaliy kanallari (K_{ATF}) funksional faolligi buzilishi bilan bog‘liq. Shuning uchun biologic faol moddalarning (BFM) K_{ATF}-kanallariga ta’sirini o‘rganish patologik sharoitda farmakologik korrektsiyalash usullarini ishlab chiqish nuqtai nazaridan dolzarb ahamiyatga ega. Ushbu kanallar yurakni ishemiya natijasida kelib chiqadigan shikastlanishdan himoya qilishda katta rol o‘ynaydi. K_{ATF}-kanallarining faollashishi harakat potentsialining davomiyligini qisqartiradi, shu bilan ishemiya davrida qisqarish

kuchini kamaytiradi va energiyani tejaydi. Yurak muskul hujayralarida gipoksiya natijasida birinchi navbatda K_{ATF}-kanallari modulyatsiyalanadi.

Yuqorida keltirilgan ma’lumotlaridan kelib chiqib, tadqiqotlarda yurak muskul hujayralari K_{ATF}-kanallariga vinkanin va pirozalin indol alkaloidlarining ta’siri tekshirildi.

Tajribalar oq, zotsiz kalamushlar (200–250 gr.) yuragi o‘ng qorinchasidan ajratib olingan hamda maxsus tajriba kamerasiga joylashtirilgan papillyar muskul preparatlarida (diametri 0,5–0,8 mm, uzunligi 1–3 mm) olib borildi. Papillyar muskul preparatining qisqarish faolligini qayd qilishda mexanografik qurilma (Mayflower Tissue Bath System, Hugo Sachs Electronic, Germaniya) hamda apparat-dasturiy kompleksi (LabScibe 2, World Precision Instruments, USA) yordamida amalga oshirildi.

Tadqiqotlarda K_{ATF}-kanallarining aktivatori nikorandildan foydalanildi. Bunda dastlab nikorandilning kalamush yuragi papillyar muskul qisqarish faolligiga dozaga bog‘liq ta’siri tekshirildi. Bunda nikorandil papillyar muskul qisqarish kuchiga 10 mkM дан 100 mkM gacha bo‘lgan konsentratsiyada tekshirilganda muskul qisqarish kuchini 31,6±3,8% dan 63,6±4,1% gacha kamaytirishi aniqlandi.

Navbatdagi tajribalarda 100 mkM nikorandil mavjud sharoitda vinkanin va pirozalin alkaloidlarining kalamush yuragi papillyar muskul qisqarish faolligiga ta’siri tekshirildi. Ushbu sharoitda pirozalin va vinkaninning yurak muskul qisqarish kuchiga ta’siri nazoratga nisbatan mos ravishda 63,6±4,1% va 74,3±5,4% ni tashkil etdi. Demak nikorandil mavjud sharoitda pirozalin va vinkaninning musbat inotrop ta’siri nazorat variant bilan solishtirilganda sezilarli darajada kamayib ketishi kuzatildi (nazoratda ya’ni, nikorandil mavjud bo‘lmagan sharoitda muskul qisqarish kuchini pirozalin 145,4±3,7 % va 173,9±3,1 % ga oshirishi kuzatilgan edi). Bundan kelib chiqib shuni aytishimiz mumkinki o‘rganilayotgan indol alkaloidlarning musbat inotrop ta’sirida K_{ATF}-kanallarining ishtiroki mavjud ekanligidan dalolat beradi.

CANDIDA AVLODIGA MANSUB ACHITQILARNI MINERAL MOYI OSTIDA UZOQ MUDDATLI SAQLASHDA FIZIOLOGIK FAOLLIGIGA TA’SIRINI ANIQLASH

Nizomova D.K.

O‘zR FA Mikrobiologiya instituti
O‘zbekiston, Toshkent, A. Qodiriy ko‘chasi, 7b
e-mail: nizomova9393@mail.ru

Hozirgi vaqtda mikroorganizmlarni to‘plamlarda uzoq muddatda saqlash uchun qayta ekish, mineral moyi ostida, liyofilizatsiya, kriokonservatsiya va past haroratda muzlatish usullari qo‘llanilib kelinmoqda. Har qanday saqlash usullari afzalliklari va kamchiliklariga ega. Muayyan ob’ektni saqlash usulini tanlash mikroorganizmlarning hayotchanligi, morfologik-fiziologik xususiyatlari, biokimyoviy va genetik barqarorligini saqlashga asoslanadi. Mahalliy va xorijiy mualliflarning ilmiy ishlarida mikroorganizmlarni turli usullar yordamida uzoq muddatli saqlash vaqtida ularning o‘zgaruvchanligi hamda o‘z xususiyatlarini yo‘qotishi mumkinligi to‘g‘risida ma’lumotlar keltirilgan. Shu sababli, sanoat uchun muhim mikroorganizmlar to‘plamida saqlanayotgan achitqilarning hayotchanligi va fiziologik xususiyatlarini o‘rganish muhim axamiyatga ega.

Sanoatda achitqilardan asosan ferment preparatlari, organik kislotalar, spirt, uglevodlar, oqsillar, vitaminlarni *Candida*, *Trichosporon*, *Rhodotorula*, *Saccharomyces*, *Torulopsis*, *Hansenula* avlodlaridan biotexnologik maqsadlarda keng foydalanadi. *Candida* avlodiga mansub achitqilar oqsil ishlab chiqaruvchi sifatida tanilgan, shuningdek, *C. scotti*, *C. tropicalis* kulturalaridan fermentlar, vitaminlarni, *C.ethanolica* turi etanolni uglerod manbai sifatida ishlatishi mumkin. Sintetik etanol biotexnologik jarayon uchun qulay xom ashyo hisoblanadi, chunki kimyoviy toza uglevodlarga nisbatan arzonroq, suvda yaxshi eriydi hamda aralashmalarni o‘z ichiga olmaydi.

O‘zbekistonda inson va issiq qonli hayvonlar uchun patogen bo‘lmagan mikroorganizmlar shtammlari O‘zR FA Mikrobiologiya institutining sanoat uchun muhim mikroorganizmlar to‘plamida saqlanadi. Mikroorganizmlar kulturalarini ya’ni achitqi guruhlarini doimiy ravishda qayta ekish usulida, mineral moyi ostida yoki liyofilizatsiya quritilgan holda saqlanadi. Mineral moyi ostida saqlash usulining afzalligi shundaki, bir necha yil davomida kulturalarni qurib qolishdan himoya qiladi va metabolik jarayonlarni kechiktiradi bu usul oddiy va nisbatan arzon hisoblanadi.

Tadqiqot ob’ekti sifatida turli xil tabiiy substratlardan ajratilgan va mineral moyi ostida saqlanib kelinayotgan *Candida tropicalis, Candida mycoderma, Candida krusei, Candida boidinii, Candida sp*. achitqi shtammlari tanlab olindi.

Olib borilgan tadqiqotlar natijalariga ko‘ra mineral moyi ostida 15-30 yil davomida 4°C haroratda saqlanganida achitqi kulturalarining morfologik-kultural xususiyatlari barqarorligi aniqlandi. O‘rganilayotgan kulturalar asosan ko‘p qirrali, koloniyalari oq, krem rangli, qirralari to‘lqinsimon. Barcha kulturalarning hujayralarida psevdomitseliy, psevdogifa va blastosporalarga ajratilgan. *Candida* avlodining turlari asosan glyukoza, ramnoz, mannoz, arabinoza va ksilozani o‘zlashtiradi. Keyingi tajribalarimizda kulturalarning turli haroratlarda o‘sish qobiliyati baholandi. Achitqi kulturalarining hujayralari miqdori maksimal 30°C da 24 soatdan keyin qayd etildi, 37°C esa *Candida mycoderma* 85, *Candida krusei* 99, *Candida melinii* 93 achitqilari yaxshi rivojlandi.

O‘rganilayotgan achitqi kulturalarining ozuqa muhitida 5-10 % gacha NaCl qo‘shilganda rivojlanishi nazoratga nisbatan hujayra miqdori kamaymadi hamda galotolerantligi aniqlandi. Kulturalarda kislota hosil qilishi, shuningdek, proteolitik faollik qayd etildi. *Candida* kulturalarning ozuqa muhitida pH=4-8 bo‘lganda hujayra miqdori 10^6 KHQB rivojlandi, pH=9 bo‘lganda hujayra miqdori 10^1 KHQB tushib ketdi hamda hujayralar ko‘rinishi kichik shakda uchradi. Ushbu kultiralarda ureaza va amilolitik faolligi kuzatilmadi. Lesitinaza faolligini o‘rganishda tuxum sarig‘i

qo‘shilgan qattiq ozuqa muhitidan foydalanildi. Agarli ozuqa muhitida *Candida mycoderma* 85 va *Candida sp*.105 kulturalarida 3-5 kundan keyin koloniyalari atrofida sust shaffof zona paydo bo‘lganligi aniqlandi.

Shunday qilib, vazelin moyi ostida uzoq muddatli saqlash, o‘rganilayotgan *Candida* achitqi kulturalarining morfologik-kultural va biokimyoviy xususiyatlarida o‘zgarishlar kuzatilmadi. Shu bilan birga, uzoq muddatli saqlashdan keyin ba’zi kulturalarda fermentativ faolligi pasayganligi aniqlandi.

BAKTERIAL SELLULOZA-BIOAKTIV MATERIAL

Shodmonova M.K., Bozorov T.A., Toshmatov Z.O.

O‘z R FA Genetika va o‘simliklar eksperimental biologiyasi instituti
O‘zbekiston, Toshkent viloyati, Qibray tumani, Yuqori yuz
e-mail: muxlisashodmonova1994@gmail.com

Yuqori tozalik, kristallik darajasining yuqoriligi, zichligi 300 dan 900 kg/m^3 gacha bo‘lishi, yuqori kuchlanish kuchi, changni yutish va suv bog‘lash qobiliyati, elastiklik, chidamlilik, toksik bo‘lmagan, metabolik inertlik, biologik moslik, sezuvchanlik, yaxshi shaklni saqlash, fizik-kimyoviy xususiyatlar sababli bakterial sellulozaga bo‘lgan bugungi talab darajasi ortib bormoqda. Yer yuzidagi eng ko‘p tabiiy polimer bo‘lgan selluloza qayta tiklanadigan, parchalanadigan va barqaror yashil resursdir. Selluloza sellobiozadan tashkil topgan chiziqli glyukon bo‘lib, glyukoza qoldiqlari b-1,4 glikozid bog‘lari bilan bog‘langan. Barqaror molekulyar tuzilish tufayli selluloza barqaror bioyoqilg‘i va boshqa qo‘shimcha qiymatli mahsulotlarga aylantirish uchun monosaxaridlar yoki polisaxaridlarga bo‘linishi kerak. Biroq, o‘simlik hujayra devori selluloza massasidan tashqari, gemiselluloza va ligninni ham o‘z ichiga oladi. Agar sellulozaning keng miqyosli degradatsiyasi talab etilsa, uni oldindan tozalash kerak. Bu juda murakkab va iqtisodiy bo‘lmagan jarayon. Odatda, sellulozani oldindan tozalash uchun suyultirilgan yoki konsentrlangan sulfat kislota ishlatiladi. Oldindan ishlov berish jarayonida tizimning parchalanish vaqti, harorati va pH

optimallashtirilishi kerak va suyuq fraktsiyalar va qattiq qoldiqlar samarali ravishda ajratilishi kerak

Sellulozalar odatda quyidagi uchta asosiy turni o‘z ichiga oladi: endoglyukanaza, ekzoglyukanaza va b-glyukozidazalar. Endoglyukanaza selluloza zanjirining kristall bo‘lmagan hududiga ta’sir qiladi, natijada yangi zanjir uchlari va turli uzunlikdagi oligosaxaridlar paydo bo‘ladi. Ekzoglyukanaza selluloza zanjirining kamaytiruvchi yoki qaytarmaydigan uchlarini parchalab, asosan sellobioza hosil qiladi. Shu bilan birga, b-glyukozidaza faqat qaytarilmaydigan uchlarga ta’sir qiladi, sellobioza va sello-oligosaxaridlarni glyukozaga gidrolizlaydi. Shunday qilib, sellobioza sellyuloza degradatsiyasi jarayonida muhim oraliq mahsulot hisoblanadi. Tabiiy polimer selluloza o‘simliklar, shuningdek, zamburug‘lar, suv o‘tlari va bakteriyalar tomonidan sintezlanadi. Bakteriya hujayrasining tuzilishida kamdan-kam hollarda selluloza bilan bog‘lanish xususiyatiga ega. O‘simliklarning hujayra devori va urug 'qobig‘i, yog‘och, asosiy komponentni o‘z ichiga oladi. O‘simliklar va bakteriyalardan olingan selluloza $(C_6H_{10}O_5)_n$ ning molekulyar shakli bir xil. Ammo kimyoviy va fizik xossalari har xil. O‘simlik sellulozasi past kristalliligi, past suv singdirish qobiliyati va ultra yupqa tuzilishi bilan bakterial sellulozadan farq qiladi. O‘simlik sellulozalarida tez-tez uchraydigan ba’zi komponentlar, jumladan lignin, gemiselluloza va pektin mavjud. Ammo bu komponentlar bakterial sellulozada (BC) yo‘q, bu o‘simlik sellulozasiga nisbatan yuqori darajada tozalanadi va shuning uchun kam energiya talab qiladi. Odatda, biz o‘simliklardan ishlab chiqarilgan sellulozani tozalashda ko‘proq kimyoviy moddalardan foydalanamiz, bu kam energiya sarflaydigan jarayondir. O‘simlik sellulozasi glyukoza birliklariga asoslangan polisaxariddan tuzilgan bo‘lishidan qat’i nazar, bu o‘simlik hujayra devorlarining asosiy materiali bo‘lib, qog‘oz, mato va to‘qimachilik sanoatida xom ashyo sifatida ishlatiladi. Selluloza zanjirida D-glyukoza piranoza birliklarini chiziqli polisaxarid sifatida bog‘lash uchun 1,4-b glikozid bog‘lari mavjud. Zanjir uzunligi taxminan 0,3 nm kengligida.

Bakterial selluloza (BC) yoki mikrobial selluloza (MC) yuqori kristalli, yuqori so‘rilgan suvni ushlab turish, yuqori kuchlanish kuchi va biologik parchalanish

qobiliyati bilan ajralib turadigan bioaktiv material hisoblanadi. Bakterial sellulozaning yuqorida aytib o‘tilgan xususiyatlari tufayli u to‘qimachilik va qog‘oz sanoati, oziq-ovqat, dori-darmonlar, tibbiyot sohalari va kosmetika kabi ko‘plab sohalar uchun qo‘llab-quvvatlanadi. Sellulozaning yuqori darajada tozalash orqali bir nechta bakteriyalardan ishlab chiqarilishi mumkin. *Acetobacter xylinum* turi bakterial selluloza ishlab chiqarishda keng miqyosda foydalaniladigan bakteriya turi hisoblanadi. Bakterial sellulozaning xarakterli belgisi 2000 dan 6000 gacha bo‘lgan polimerlanish darajasi (Dp) mavjudligidir. O‘simlik hujayrasida esa 13000-14000. Kesima diametri 2 dan 4 nm gacha, kristallanish foizi o‘simliklarda 56-65 %, bacterial sellulozada esa bu ko‘rsatkich 65-79 % ni tashkil qiladi. Bu esa mukammal shakl va mustahkamlikni saqlaydi.

P. *major* L. THE EFFECT OF THE SUM OF POLYPHENOLS EXTRACTED FROM THE PLANT ON THE METABOLISM OF MINERAL SUBSTANCES AND PIGMENT METABOLISM ON THE BIOCHEMICAL INDICATORS IN THE BLOOD IN THE DYNAMICS OF EXPERIMENTAL DIABETES

Tokhtayeva F.Sh.

Chirchik State Pedagogical University. Uzbekistan
Amir Temur Avenue 104, Chirchik, Tashkent region, Uzbekistan
e-mail: ftuxtayeva@inbox.ru

Day by day, the number of patients suffering from diabetes is increasing, as a result of the tireless research of scientists, several remedies are being sought. We also conducted research in this direction and P. *major* l. We studied the effect of the sum of polyphenols isolated from the plant on the dynamics of experimental diabetes from biochemical parameters in the blood on the metabolism of mineral substances and pigment metabolism, as a result of the corrective effect of the polyphenol, the indicators of mineral metabolism and pigment metabolism in the symptoms of experimental diabetes mellitus approached the intact indicators.

Studies have shown that the incidence of type 1 diabetes has increased worldwide over the past 30 years. For example, in 2002–2003, the incidence of type 1 diabetes in young people increased by 100,000 per year. In 2011-2012, it increased by 100,000 people in the US region. The annual incidence of type 1 diabetes is 1.9–7.0% in Africa, 0.13–10% in Asia, 4.4% in Australia, and 3.4–36% in Europe. 7.61–25.7% in North America, and 1.27–18% in South America. The prevalence of type 2 diabetes is from 0.3 to 17.9% in Africa, from 1.2 to 14.6% in Asia, from 0.7 to 11.6% in Europe, from 4.6 to 40% in the Middle East, from North America from 6.69 to 28.2% and in South America from 2.01 to 17.4%. The World Health Organization Global Report on Diabetes showed that overweight or obesity is the strongest risk factor for type 2 diabetes and that prediabetes is increasingly seen in children, adolescents and adults.

Methods: Bilirubin, sodium, potassium and calcium levels in blood plasma were determined using Human (Germany) reagents on a Humanstar 100 automatic analyzer.

In our study, P. *major* l. In order to evaluate the corrective effect of the amount of polyphenols extracted from the plant, the condition of the indicators of pigment metabolism and mineral substance metabolism was evaluated in the blood of experimental animals.

The study of the amount of bilirubin in the blood of rats with alloxan diabetes showed that it decreased by 27.4% compared to the intact indicator. Rats were treated with P. major l. when the sum of polyphenols obtained from the plant was introduced at a dose of 50 mg/kg, the amount of bilirubin was lower by 37.3 and 13.6% compared to the intact and control values, respectively. P. *major* l. bilirubin content was reduced by 35.1 and 10.5% compared to the intact and control values, respectively, when the sum of plant polyphenols was administered at a dose of 100 mg/kg.

Changes in the metabolism of mineral substances in the blood of rats with alloxan diabetes also occurred. In this case, the amount of sodium and potassium in the blood of animals with diabetes was 6.7 and 18.3% lower than the intact values, respectively,

and the amount of calcium, on the contrary, was 13.2% higher. Rats were treated with P. *major* l. The sum of polyphenols obtained from the plant at a dose of 50 mg/kg was statistically significantly higher than the control values, despite the fact that the sodium and potassium levels were lower than the intact values. The amount of calcium did not differ from the intact index. Rats were treated with P. *major* l. When the amount of polyphenols extracted from the plant was introduced at a dose of 100 mg/kg, the changes in the metabolism of mineral substances were similar to those at a dose of 50 mg/kg, and the numbers were closer to the intact indicators.

Conclusion: In the study, on the 21st day of alloxan diabetes, the amount of bilirubin from the indicators of pigment exchange and potassium, sodium, calcium from mineral salts was determined in the blood of experimental animals. The above results show that P. *major* l. the reason is the correcting effect of the amount of polyphenols obtained from the plant.

CRUCIAL ROLE OF NEUROMEDIATORS AND HORMONES IN IMMUNE REACTIONS

Yuldosheva.L.O.

Student of the Urgench branch of the Tashkent Medical Academy
Al-Khorezm street 28, Khorezm region, Urgench, Uzbekistan
e-mail: *laylo.yuldasheva45@gmail.com*

According to many researchers, the primary regulator of the immune regulation process is the brain, specifically the hypothalamic region, the hippocampus, the reticular formation of the midbrain, and the bodymind complex. In addition, the large hemispherical plates and basal nuclei play an important role in the formation of the body's immune system. Recent decade-long studies have shown that neutral neuropeptides (serotonin, GABA, dopamine) also play an important role in the activity of the body's immune system. This is because immune cells have receptors on their

membranes that are sensitive to glutamate, dopamine, serotonin, and gamma-aminobutyric acid (13, 18, 23, 26, 34). GABA and dopamine inhibitors cause immunologic failure, or serotonin inhibitors cause immunogenic failure, which inhibits the process of immunogenesis (14, 23). The presence of NMDA receptors in the cell membranes of immunocomponent cells suggests that the glutamate system may be involved in the release of immune tissue. In recent years, the peptidergic mechanism via neuropeptides, myelopeptides, and thymopeptides has become important in the proliferation and differentiation of nerve and immune component cells.

In conclusion, the nervous, immune, and endocrine systems control, protect, and regulate the activities of all organs in the body. The morphofunctional connections between them serve as the basis for the existence of a unified system - the neuroimmunoendocrine system. The study of where and how neuropeptides and hormones are involved in the body's immune response has attracted a great deal of research in recent years. Neuropeptides, for example, have up to 50 amino acid chains, with about 4.5 amino acids involved in interacting with specialized receptors on the cell membrane. What they do is they are responsible for the activity of the mechanism of interaction with proteolytic enzymes, hormones, and immunomodulins to perform other functions.

A number of subsequent studies have demonstrated that neuropeptides act on the hypothalamus, pituitary gland, thyroid gland, adrenal gland, and APUD cells in the lungs and peripheral nervous system innervated tissues.

НЕЙРОДЕНЕНЕРАТИВ КАСАЛЛИКЛАРДА ИЛ-5 ЦИТОКИНИНЛАРНИНГ МИҚДОРИНИ АНИҚЛАШ

Аманбаева С.С.[1], Мустафакулов М.А.[1], Саатов Т.С.[1], *Рахимов Р.Н.*[2]

[1]ЎзМУ ҳузуридаги Биофизика ва биокимё институти
Ўзбекистон, Тошкент, Олмазор тумани, талабалар кўчаси, 174
[2]А.С. Содиков номли биоорганик кимё илмий тадқиқот институти
Ўзбекистон, Тошкент, Мирзо Улуғбек тумани, Мирзо Улуғбек хиёбон, 83
e-mail: mmustafakulov@bk.ru

Ҳозирги вақтда бир неча минг мия касалликлари мавжуд ва енг кенг тарқалганлари орасида ёшга боғлиқ нейродегенератив (Алцгеймер ва Паркинсон касалликлари, амиотрофик латериал склероз) мавжуд. Дунёда 30 миллионга яқин одам улардан азият чекмоқда, прогнозларга кўра, 2030-йилга келиб уларнинг сони икки баравар, 2050-йилга келиб еса тўрт баробар кўпаяди. Дифференциал ташхис қўйишга имкон берадиган махсус аломатлардан ташқари, муҳокама қилинаётган касалликларнинг бутун гуруҳини тавсифловчи баъзи умумий белгилар мавжуд. Ҳозирги вақтда бутун дунёда учрайдиган касалликларнинг аксариятини ҳам неврологик ва психологик касалликлар ташкил этади. Ушбу касалликлар эса ҳам тиббий, ҳам ижтимоий жиҳатдан аҳамият касб этади. Маълумки, неврологик ва психологик касалликлар негизида нерв тизими структурасининг бузилиши ва нейродегенератив жараёнлар ётади. Дунёда миллионлаб беморлар сурункали нейродегенератив касалликлардан азият чекмоқда, улар қанчалик даволанишига қарамай, ўлим ёки ногиронлик билан якунланади. Нейродегенератив касалликлар мураккаб ва патогенези тўлиқ аниқ бўлмаган гетероген касалликлар гуруҳини ифодалайди.

Ушбу тадқиқотда Нейроденеративе касалликларда ИЛ-5 цитокининларнинг миқдорини аниқлашдан иборат.

Тадқиқотлар Ўзбекистон Миллий университети ҳузуридаги Биофизика ва биокимё институти Метаболомика лабораторияси қошидаги виварийда оқ каламушларда олиб борилди. Тажрибаларда жами 24 та 324±16 г каламушлардан фойдаланилди. Тадқиқот ҳайвонларида Альцгеймер чақириш учун нейротоксин

стрептозоциндан фойдаланилди. Тажриба учун ажратилган каламушлар гуруҳларга ажратилди: I гуруҳ – назорат (n=5), II гуруҳ – тажриба (Альцгеймер, n=6), III гуруҳ - тажриба (Альцгеймер +П-1, н=6), IV гуруҳ- тажриба (Альцгеймер + П-2, n=6) гуруҳларга бўлинди. ИЛ-5 интерлейкин тўпламда қўлланиладиган синов принципи сендвич ферменти иммуноферменти ҳисобланади. Фермент-субстрат реакцияси сулфат кислота еритмаси ва қўшилиши билан тугатилади ранг ўзгариши 450 нм ± 10 нм тўлқин узунлигида иммуноферменти тахлил асосида ўлчангади.

Тўплам хона ҳароратида 100 мЛ стандарт ишчи буфер қўшинг. (кўрсатмаларга мувофиқ аста-секин суюлтирилади) ёки ҳар бир қудуққа 100 мкл намуна, ва 37°C да 80 дақиқа давомида инкубация қилинади. Пластинкадаги суюқликни тўкиб ташланади, ҳар бир қудуққа 200 мкл 1 × ювиш буферини қўшилади ва ювилади пластинка 3 марта такрорланади. Спин-қуритгандан сўнг, 100 мкл биотинилланган антитела ишчи еритмасини (1 ×) қўшилади. Ҳар бир қудуқ, 50 дақиқа давомида 37°C да инкубация қилинади. Пластинкадаги суюқликни тўкиб ташланади, ҳар бир қудуққа 200 мкл 1 × ювиш буферини қўшилади ва ювилади. Пластинка 3 марта такрорланади. Қуритгандан сўнг, ҳар бир қудуққа 100 мкл 1 × ишчи еритмаси қўшилади, 50 дақиқа давомида 37°C да инкубация қилинади. Пластинкадаги суюқликни тўкиб ташланади, ҳар бир қудуққа 200 мкл 1× ювуш буфери қўшилади ва пластинка 5 марта такрорланади сўнг, дарҳол 450 нмда ўлчанади, натижаларни ҳисобланг. ИЛ-5 интерлейкин цитокининнинг миқдори нейродегенератив касалликларда кескин ортиши текширилди.

Хулоса, нейродегенератив касалликларнинг эксперементал моделида ИЛ-5 интерлейкин қўллаш орқали жигар тўқимасида ёғли гепатоз жараёнини аниқлашда аниқ метод ҳисобланади.

ПАТОГЕНЕТИЧЕСКИЕ МЕХАНИЗМЫ РАЗВИТИЯ КОГНИТИВНЫХ НАРУШЕНИЙ ПРИ САХАРНОМ ДИАБЕТЕ 2 ТИПА

Артыкбаева Г.М., Ишанходжаев Т.М., Мустафакулов М.,
Баходиров Х., Саатов Т.С.

Институт Биофизики и Биохимии при НУУз им. М.Улугбека
Узбекистан, Ташкент, Студенческий городок, 174
e-mail: *gulnoraar@rambler.ru*

Механизмы, посредством которых сахарный диабет 2 типа (СД2) может влиять на возникновение и развитие когнитивных нарушений (КН), сложны и многообразны. К наиболее значимым из них относят: нарушение нейрогенеза, нарушение целостности гематоэнцефалического барьера (ГЭБ), системные воспалительные реакции, гипер- и гипогликемию, инсулинорезистентность (ИР), дисфункцию сосудов микроциркуляторного русла и повышение уровня глюкокортикостероидов. Нейрогенез в лимбической системе играет ключевую роль в обучении и памяти. Показано, что с возрастом активность нейрогенеза снижается. СД2 способствует прогрессированию дезорганизации процесса нейрогенеза: гипергликемическая среда индуцирует распространение нейронных сетей, но вредит их функционированию. Результаты экспериментальных исследований свидетельствуют о том, что нарушение процесса нейрогенеза можно рассматривать как основу когнитивных нарушений и атрофии головного мозга. У пациентов с болезнью Альцгеймера были выявлены различные структурные изменения, обусловливающие нарушение целостности ГЭБ. К ним можно отнести истончение эндотелия, потерю митохондрий и утолщение базальных мембран, последние из которых увеличивают накопление токсичных фокальных Aβ-пептидов. Осмотические повреждения и окислительный стресс, индуцированные повышенным содержанием глюкозы, стимулируют процесс повреждения нейронов. Считается также, что перманентное поддержание высокого уровня глюкозы приводит к усиленному образованию особых продуктов гликозилирования – Advanced Glycation End products (AGEs), которые

могут являться потенциально токсичными для нейронов. Гипогликемию, в том числе возникающую на фоне приема лекарственных средств, применяемых для лечения СД, рассматривают как один из важнейших факторов, способствующих снижению когнитивных функций – внимания и скорости психомоторных процессов. Неблагоприятное воздействие гипогликемии может быть связано с гибелью нейронов, особенно в нескольких наиболее уязвимых зонах мозга, таких как гиппокамп, а также с активацией свертывающих систем крови (за счет повышения агрегации тромбоцитов и формирования фибриногена) и ишемии. Повреждающее действие гипогликемии, по-видимому, особенно резко выражено у пожилых пациентов, которые в силу более низкого когнитивного (мозгового) резерва и низкой пластичности в меньшей степени способны нивелировать последствия повреждения.

Предполагается также, что воспалительные реакции играют важную роль и в патогенезе болезни Альцгеймера. Это подтверждается наличием в нейронах увеличенного пула таких провоспалительных цитокинов, как, например, TNF-α. Было выявлено, что в нейронах при болезни Альцгеймера развивается инсулинорезистентность (ИР). Дисбаланс глюкозы в крови и ИР могут влиять на синтез ацетилхолина. Ацетилхолинтрансфераза, которая является ферментом, ответственным за синтез ацетилхолина, выделяется в инсулин-рецепторно-позитивные кортикальные нейроны, а инсулин регулирует экспрессию ацетилхолинтрансферазы. Поскольку ацетилхолин является регуляторным нейротрансмиттером когнитивных путей, нарушения, касающиеся его рецепции, могут иметь важное значение для развития нейрокогнитивных расстройств у больных СД2. Дефицит эндотелиальных клеток, возникающий в результате структурных и функциональных изменений в церебральных сосудах ввиду гипергликемии, нарушает работу так называемых нейроваскулярных единиц. Эти явления могут вызывать дегенерацию нейронов вследствие увеличения их восприимчивости к гипоксии и ишемии. Соответственно, нейродегенеративные процессы способны приводить к когнитивным расстройствам.

F-17 ВА F-19 АЛКАЛОИДЛАРИНИНГ ВАЗОРЕЛАКСАНТ ТАЪСИРИДА $K_{АТФ}$-КАНАЛЛАРИНИНГ РОЛИНИ ЎРГАНИШ

Зарипов А.А.[1], Собиров С.Б.[2], Есимбетов А.Т.[2],
Усманов П.Б.[1], Жўракулов Ш.Н.[3]

[1]ЎзМУ ҳузуридаги Биофизика ва биокимё институти
Ўзбекистон, Тошкент, Олмазор тумани, талабалар кўчаси, 174
[2]Бердах номидаги Қорақалпоқ давлат университети
Ўзбекистон, Қорақалпоғистон Республикаси, Нукус, Абдиров кўчаси, 1
[3]ЎзР ФА Ўсимлик моддалар кимёси институти
Ўзбекистон, Тошкент шаҳар, Мирзо Улуғбек туман, Мирзо Улуғбек шоҳ кўчаси, 77
e-mail: *salimz10@mail.ru*

K^+-каналлари патологик шароитларда вазомотор функцияни бошқаришда муҳим рол ўйнайди ва улар бир қанча юрак-қон томир учун кўплаб дори воситаларининг потенциал нишони ҳисобланади. $K_{АТФ}$ каналлари кўплаб тўқималарда, айниқса юрак ва қон томир СМҲ ларида кенг учрайдиган ион каналлар синфидир. Бу каналлар юрак ҳужайраларининг ишемик шикастланишларидан ҳимоя қилиши ва қон томир тонусини тартибга солиш каби турли хил физиологик жараёнларда иштирок этади. Шу боис, F-17 ва F-19 изохинолин алкалоидларининг вазорелаксант таъсирида $K_{АТФ}$-каналларининг иштирокини ўрганиш мақсадида тажрибалар амалга оширилди.

Тажрибаларда тайёрлаб олинган каламуш аорта препарати Кребс–Хензелайт физиологик эритмаси (мМ): NaCl - 120,4; KCl - 5; $NaHCO_3$ - 15,5; NaH_2PO_4 - 1,2; $MgCl_2$ - 1,2; $CaCl_2$ - 2,5; $C_6H_{12}O_6$ - 11,5 (*pH*=7,4) билан перфузияланган экспериментал ячейкага (5 мл) жойлаштирилди. Аорта препаратларининг қисқариш фаоллиги Grass FT.03 (Grass-Telefactor, США) механотрони ёрдамида қайд қилинди.

F-17 ва F-19 изохинолин алкалоидларининг вазорелаксант таъсирида АТФга сезгир K-каналларининг иштирокини аниқлаш мақсадида тажрибалар амалга оширилди. Тажрибаларда аорта препаратларининг $K_{АТФ}$-каналлари

блокатори глибенкламид билан олдиндан инкубация қилиниши, ўрганилаётган алкалоидларнинг вазорелаксант фаоллигининг бирмунча пасайишига олиб келди. Бунда, глибенкламид (50 мкМ) мавжуд шароитда KCl (30 мМ) билан чақирилган аорта препарати қисқариш кучига F-17 (150 мкМ) ва F-19 (100 мкМ) изохинолин алкалоидларининг релаксант таъсири назоратга нисбатан мос равишда 36,2±4,3% ва 43,3±4,3% га камайганлиги кузатилди.

Ушбу тажрибалардан олинган натижалар шуни кўрсатадики, ўрганилаётган алкалоидларнинг вазорелаксант таъсирида $K_{АТФ}$-каналларини иштироки бор эканлигидан далолат беради.

НЕЙРОДЕНЕНЕРАТИВ КАСАЛЛИКЛАРДА ГЕКСОКИНАЗА ФЕРМЕНТИНИНГ ФАОЛЛИГИНИ ЎРГАНИШ

Икромов С.А.[1], Мустафакулов М.А.[1], Саатов Т.С.[1], *Рахимов Р.Н.*[2]

[1]ЎзМУ ҳузуридаги Биофизика ва биокимё институти
Ўзбекистон, Тошкент, Олмазор тумани, кўчаси талабалар кўчаси, 174
[2]А.С. Содиков номли биоорганик кимё илмий тадқиқот институти
Ўзбекистон, Тошкент, Мирзо Улуғбек тумани, Мирзо Улуғбек хиебон, 83
e-mail: mmustafakulov@bk.ru

Глюкокиназа, глюкоза-6-фосфат ҳосил қилиш учун Д-глюкозанинг фосфорланишини катализловчи фермент. Бу гексокиназанинг изоформидир, лекин фақат жигарда мавжуд. Ушбу органнинг тўқималарида глюкокиназа гексокиназадан 10 марта фаолроқ бўлиб, глюкоза учун Мичаелис константаси (Км) юқори ва глюкоза-6-фосфат томонидан ингибирланади. Шунинг учун озиқ-овқат истеъмол қилинганда ва жигарда глюкоза концентрацияси ошгани сайин глюкокиназа фаоллиги ҳам ошади.

Тадқиқотда Нейродегенератив касалликларнинг эксперементал моделида гексокиназа ферментининг фаоллигини аниқлашдан иборат.

Ушбу тадқиқот Ўзбекистон Миллий университети ҳузуридаги Биофизика ва биокимё институти Метаболомика лабораторияси қошидаги виварийда оқ каламушларда олиб борилди. Тажрибаларда жами 24 та 324±16 г каламушлардан фойдаланилди. Тадқиқот ҳайвонларида Альцгеймер чақириш учун нейротоксин стрептозоциндан фойдаланилди. Тажриба учун ажратилган каламушлар гуруҳларга ажратилди: I гуруҳ – назорат (n=5), II гуруҳ – тажриба (Альцгеймер, n=6), III гуруҳ - тажриба (Альцгеймер +Беҳ, н=6), IV гуруҳ- тажриба (Альцгеймер + Провидин, т=6) гуруҳларга бўлинди. Глюкокиназа фермент фаоллиги NADPH нинг ажралиб чиқиши қўшимча тизимларнинг ишлаши глюкоза-6-фосфатдегидрогеназа ферменти билан глюкокиназа+гексокиназа фаоллиги аниқланади.

D-гексоза + АТФ → D-гексозо-6-фосфат + АДФ.

Ҳажм 1.5 мл; таркибида 250 мМ глюкоза; 50 мМ Tris-HCl; pH-7,8; 5 мМ АТФ; 10 мМ $MgCL_2$; 100 KCL; 2 ДТТ; 0,25 мМ $NADP^+$; 50 мкл супернатант. Реакция тез содир бўлади ҳамда 340 нм тўлқин узунлигида 25 ^{0}C да 1 мкмол субстрат 1 дақиқа давомида ўлчанади.

Масъкур тадқиқотда экспериментал нейродегенератив касалликларнинг модел Аллъцгеймер каламушлари қони, жигари ва скелет мускулларида гексокиназа ва ферментининг фаоллиги ва ўсимликлардан олинган препаратлар таъсири ўрганилди ҳамда бу ферментларнинг фаоллигини 5/10/15 дақиқа давомида текширилди. Олинган натижалар назорат гуруҳи жигарида гексокиназа фаоллиги дастлабки, 5 дақиқада 1,13 мМ/мин мг оқсил, 10 дақиқада 1,17 мМ/мин мг оқсил, 15 дақиқада 1,26 мМ/мин мг оқсилни, интакт гуруҳ каламушларда назорат гуруҳларга нисбатан кескин оғиш кузатилмади.

Алъцгеймер каламушларда жигар тўқимасида 5 дақиқада 0,48 мМ/мин мг оқсил, 10 дақиқада 0,54 мМ/мин мг оқсил, 15 дақиқада 0,41 мМ/мин мг оқсилни

ташкил қилгани ҳамда глюкокиназа ферменти фаоллиги кескин тушганлиги тажрибалардан исботланди.

Хулоса, Тадқиқотларнинг кейинги қисмида назорат, интакт каламушлар ва экспериментал диабет модели қони ва мускулида гексокиназа ферментининг фаоллигини диабет модели ва ўсимликлардан олинган препарат таъсири ўрганилди. Олинган натижаларга кўра назорат гуруҳи каламушларининг қонида гексокиназа фермент фаоллиги камайганлиги тадқиқот давомида кузатилди.

ТОКСИК ГЕПАТИТДА, CA^{2+}-ИОНЛАРИ ЁРДАМИДА ЧАҚИРИЛГАН МИТОХОНДРИЯ БЎКИШИГА (MPTP) ПОЛИФЕНОЛ БИРИКМАЛАРНИНГ ТАЪСИРИ

Маллаева М.М.[1], Мустафакулов М.А.[2], Позилов М.К.[2], *Рахимов Р.Н.*[3]

[1]Самарқанд давлат тиббиёт университети
Ўзбекистон, Самарқанд вилояти, Самарқанд, Амир Темур кўчаси, 18
[2]ЎзМУ ҳузуридаги Биофизика ва биокимё институти
Ўзбекистон, Тошкент, Олмазор тумани, талабалар кўчаси, 174
[3]А.С. Содиков номли биоорганик кимё илмий тадқиқот институти
Ўзбекистон, Тошкент, Мирзо Улуғбек тумани, Мирзо Улуғбек хиебон, 83
e-mail: mmustafakulov@bk.ru

Митохондриялар оксидланишли фосфорланиш орқали сутэмизувчилар ҳужайраларида ишлатиладиган АТФнинг деярли 95% ишлаб чиқарадиган асосий ҳужайрали органелладир. Шунингдек, митохондриялар калций ионлари гомеостазида ҳам муҳим рол ўйнайди. Цитозолик Ca^{2+} концентрацияси чегарадан ошиб кетганда, митохондрия Ca^{2+} ни тез аккумляция қилиши ва уни секин чиқариши мумкин. Оксидланишли фосфорланишда иштирок этишдан қатъий назар, митохондриядаги Ca^{2+} цитозолик калций сигналларида ҳам иштирок этади ва митохондрия ички мембранасида mPTP очилишини қўзғатиш орқали митохондриал апоптоз механизмни фаоллаштиради.

Тадқиқотда Токсик гепатитда, Ca^{2+}-ионлари ёрдамида чақирилган митохондрия бўкишига (MPTP) полифенол бирикмаларнинг таъсирини ўрагишдан иборат.

Ушбу тадқиқот 280-320 г бўлган 45 та оқ наслсиз жинсий етук еркак каламушларда ўтказилди. Назорат гуруҳига 4 та гуруҳларга бўлиниб ўрганилди ҳамда уларга полифеноллар берилди. Тажрибаларда каламушларда гепатит чақириш учун CCl_4 дан фойдаланилди. Тадқиқотлар зотсиз, вазни 180-200 г бўлган оқ эркак каламушларда олиб борилди. Тажриба учун ажратиб олинган каламушлар гуруҳларга ажратилди.

I гуруҳ назорат (соғлом); II гуруҳ тажриба (CCl_4 0,5 мл/кг); III гуруҳ CCl_4 + глабра (40 мг/кг); IV гуруҳ CCl_4 + суммах (32 мг/кг); V гуруҳ CCl_4 + кверцетин (30 мг/кг). Тажриба учун олинган II, III, IV ва V гуруҳ каламушларда экспериментал ТГ чақириш учун ҳайвонлар қорин тери остига 50% ли CCl_4 (0,5 мл/кг) ҳар 3 кунда бир мартадан юборилди. Экспериментал гуруҳ ҳайвонларида токсик гепатит 5, 10, 15, 20 ва 25 кунлик таъсир қилиш ҳамда шу кунлар ичида полифенллар таъсири моделлаштирилган ҳолда ўраганилган.

Тажрибаларда митохондрия бўкишини чақириш учун mPTP индуктори ҳисобланган $CaCl_2$ нинг 20 мкМ концентрациясидан фойдаланилди. Соғлом каламушлардан (1 гуруҳ) ажратиб олинган жигар митохондриясининг $CaCl_2$ таъсирида бўкиши назорат сифатида 100% деб олинди. Олинган натижаларга кўра, токсик гепатит чақирилган 2 гуруҳ каламушларнинг жигар митохондриясини бўкишини назоратга нисбатан 53,6% ошганлиги аниқланди. Токсик гепатит натижасида жигар митохондрияси Ca^{2+} юкламасини ортиши ва мембрана стабиллигини йўқолиши кузатилади, бу эса mPTPнинг юқори ўтказувчанлик ҳолатини таъминлайди. CCl_4-билан чақирилган токсик гепатитда жигар митохондрияси бўкишига (mPTP ўтказувчанлигига) глабра, суммах полифеноллари ва кверцетин флавноидининг таъсири тўлиқ ўрганилган. CCl_4

билан чақирилган токсик гепатитли III гуруҳ каламушларни глабра полифеноли билан тана вазнига нисбатан 50 мг/кг дозада суткасига бир марта 20 кун давомида фармакотерапия қилиниши натижасида уларнинг жигаридан ажратиб олинган митохондрияларнинг бўкиши токсик геапатитли II гуруҳ кўрсаткичларига нисбатан 10,2% га ингибирлаши аниқланди. Демак, глабра полифеноли каламушларда токсик гепатит шароитида жигар митохондрия бўкишини қисман ингибирлайди.

Хулоса, Полифеноллар гепатитли каламушларнинг жигаридан ажратиб олинган митохондрияларнинг бўкиши II гуруҳ кўрсаткичларига нисбатан 30,1% га ингибирланганлиги аниқланди.

РЕЛАКСАНТНОЕ ДЕЙСТВИЯ 14-О-БЕНЗОИЛКАРАКОЛИНА НА СОКРАТИТЕЛЬНУЮ АКТИВНОСТЬ АОРТЫ КРАСЫ

Мирзаева Ю.Т., Усманов П.Б.

Институт Биофизики и Биохимии при НУУ имени Мирзо Улугбека
Узбекистан, Ташкент, Алмазарский район, ул. Студенческая, 174
e-mail: *Ymirzayeva@mail.ru*

Ранее нами было обнаружено, что 14-О-бензоилкараколин обладает выраженным релаксантным действием и эффективно расслабляет гладкомышечных клеток (ГМК) аорты крысы предварительно сокращенные различными констрикторами. С целью дальнейшей характеристики механизма релаксантного и спазмолитического действия 14-О-бензоилкараколина и его зависимости от его структуры нами были выполнены исследования эффекта 14-О-бензоилкараколина на сократительную активность ГМК аорты крысы.

Исследования проводились на препаратах в виде колец (шириной 3-4 мм) изолированных из аорты крысы, сократительную активность регистрировали в изометрическом режиме с помощью датчика натяжения FT-03 (Grass, США).

Препараты фиксировались в ячейке и перфузировались раствором Кребса при 37°С.

Релаксантное действие 14-О-бензоилкараколина проявлялось уже при его концентрации 10 мкМ. Вместе с тем релаксантное действие 14-О-бензоилкараколина имело дозо-зависимый характер, и при увеличении концентрации алкалоида в диапазоне 10-60 мкМ сила сокращения препарата аорты крысы, индуцированная 50 мМ KCl снижалась от 14,5±3,2 до 90,1±4,2 %. Результаты этих экспериментов убедительно свидетельствуют о том, что релаксантное действие 14-О-БК в условиях KCl-индуцированной контрактуры связано с подавлением транспорта ионов Ca^{2+} из внеклеточной среды в цитоплазму ГМК через потенциал-зависимые Ca^{2+}–каналы плазмалеммы. Для подтверждения взаимодействия исследуемого алкалоида с потенциал-зависимыми Ca^{2+}-каналами плазмалеммы ГМК нами были выполнены эксперименты со специфическим блокатором этих каналов- верапамилом. Добавление в среду инкубации 0,1мкМ верапамила сопровождалось расслаблением препарата аорты до 50,2±2,2 %. Добавление 14-О-бензоилкараколина (16,8 мкМ) (концентрация соответствующая его значению IC_{50}), в аналогичных условиях, вызывал дополнительное расслабление препарата аорты крысы до 33,9±4,7 %.

Таким образом, анализ данных полученных в этих экспериментах показывают, что способность 14-О-бензоилкараколина дополнительно расслабляет препараты аорты на фоне эффекта верапамила указывает на то, что в основе его релаксантного действия лежит не только подавление поступления ионов Ca^{2+} через потенциал-зависимые Ca^{2+}- каналы, но и его влияние и на другие пути поступления ионов Ca^{2+} в цитоплазму ГМК.

БУҒДОЙНИНГ ЎСИШ-РИВОЖЛАНИШИДА ТРИТЕРПЕНОИД ТАБИАТЛИ БИРИКМАЛАРНИНГ СТИМУЛЯТОРЛИК ТАЪСИРИ

Нуриева М.У.

ЎзР ФА Қорақалпоқ табиий фанлар илмий-тадқиқот институти
Ўзбекистон, Қорақалпоғистон Республикаси, Нукус, Ўзбекистон Гузари кўчаси, 41
e-mail: nmahbuba@internet.ru

Ўсимликларни ташқи омиллар таъсиридан ҳимоя қилиш бўйича тадқиқотлар олиб борилган бўлсада, лекин уларнинг чидамлилиги билан боғлиқ биокимёвий ва физиологик хусусиятлари ҳамда бунда физиологик фаол моддаларнинг роли бўйича маълум ечимлар қилиш учун етарли эмас.

Шунга асосан биз тадқиқотларимизда тритерпеноид табиатли глицирризин кислотасини ўсимликларнинг ўсиш ривожланишини авжлантирувчи хоссаларини эътиборга олган ҳолда, ушбу кислота ва унинг айрим тузлари эритмаларини буғдойнинг унувчанлиги ва ўсиш ва ривожланишига таъсирини ҳар хил даражада туз концентрацияларига эга бўлган *in vitro* шароитда ўргандик. Бунинг учун буғдойдан каллусогенез олиш учун одатда пробиркада эмбриондан гормон қўшмасдан ўстирилган стерил ҳолда ўсимликдан фойдаланилади. Биз Чиллаки ва Краснодар буғдой навлари донларини сувда буктириб, сўнгра буктирилган буғдой донларини 5 ҳафта давомида совутгичда $+2^0$C да 5 ҳафта давомида сақладик. Сўнгра буғдой донларини иссиқхонага экиб, ҳосил бўлган бошоқларида ҳосил бўлган донларининг сут пишиқлик давридаёқ эмбрионларини ажратиб олиб уларни *in vitro* шароитда ўсиш ва ривожланишига гормонлар ва глицирризин кислотаси тузларини таъсирини ўргандик. Бунинг учун ҳали пишмаган, яъни сут пишиқ давридаги буғдой донларини хлораминда 5 минут давомида стериллаб олдик, сўнгра уларни 3 марта стерилланган дистилланган сувда ювдик. Сўнгра донни стерилланган қоғоз устига қўйиб, ундан эмбрионини ажратиб олдик ва озиқали пробиркага жойлаштирдик. Пробиркада эмбриондан ўстирилган ўсимталардан 5-10 мм ҳажмда тўқималар

қирқиб олиб, МС+2,4Д гормонли ва глицирризин кислотали озиқали муҳитда ўстиришга қўйдик. Гормонли ва глицирризин килотали озиқали муҳитда каллусларнинг ривожланишини кузатиб бордик.

Буғдой эмбриони стерилланган муҳитда ўстирилган ўсимталарининг учки қисмидан олинган тўқималар 2,4Д фитогормон қўшилган озиқали муҳитдаги каллус тўқималари ҳолати билан глицирризин кислотасининг натрий ва калийли тузлари қўшилган ҳолатда бир хил, литий ва аммонийли тузлари қўшилган каллус тўқималари 2,4Д фитогормон қўшилган озиқали муҳитдаги каллус тўқималарига нисбатан тез ривожланиш ҳолатлари кузатилди.

Глицирризин кислотасининг литийли тузида натрий ва калийли тузига эга бўлган вариантларга нисбатан 1,0 ва 1,5 марта, аммонийли тузида эса 1,1 1,8 марта юқори натижалар кузатилди.

Демак, бундан шундай хулоса чиқариш мумкинки, глицирризин кислота ўсимликларни ўсиш ва ривожланишини тезлаштирувчи физиологик фаол модда сифатидаги хусусиятга эга экан.

ИЗМЕНЕНИЕ УРОВНЯ GLUT4 В РАЗЛИЧНЫХ ОТДЕЛАХ МОЗГА КРЫС С МОДЕЛЬЮ СПОРАДИЧЕСКОГО НЕЙРОДЕГЕНЕРАТИВНОГО СОСТОЯНИЯ

Саатов Т.С., Артыкбаева Г.М., Ишанходжаев Т.М.,
Мустафакулов М.А., Ибрагимова Э.А.

Институт Биофизики и Биохимии при НУУз им. М.Улугбека
Узбекистан, Ташкент, Студенческий городок, 174
e-mail: *gulnoraar@rambler.ru*

В последние годы взаимосвязи между системной инсулинорезистетностью (ИР), специфической ИР головного мозга и болезнью Альцгеймера (БА) было посвящено много работ, которые свидетельствуют о существовании общих механизмов, приводящих к возникновению и течению диабета 2 типа и БА. ИР определяется как патологическое состояние, при котором клетки утрачивают

способность ответа на метаболическую активность инсулина и инсулинопосредованных процессов в головном мозге, включая пищевое поведение, продукцию глюкозы печенью, мобилизацию жировой массы, терморегуляцию, ответ на гипогликемию и нейрональные функции, что может являться индикатором ИР.

Целью работы было изучение уровня переносчика глюкозы GLUT4 в различных зонах мозга крыс с экспериментальной моделью спорадического нейродегенеративного состояния с симптомами болезни Альцгеймера (СНДС).

В наших экспериментах для воспроизведения спорадического НДС с симптомами Альцгеймера животных кормили в течение трех месяцев специальной диетой, которая включала вместе со стандартной диетой, дополнительную высококалорийную, состоящую из холестерина, маргарина и сала в объеме 2% от общего объема питания. После достижения среднего уровня глюкозы в крови 7-8 мМ экспериментальной группе животных интраназально в липосомах вводили в течение недели стрептозоцин.

Принимая во внимание эти данные, были запланированы исследования по определению биохимических параметров в крови, а также работы по определению состояния отдельных ключевых элементов сигнальной системы инсулина в срезах ткани мозга животных при воспроизведении экспериментальной модели спорадического нейродегенеративного состояния. Результаты исследования показали, что в крови животных наблюдаются характерные для СД 2 типа увеличение содержания глюкозы, гликированого гемоглобина, холестерина, триглицеридов и липопротеидов, а также изменение показателей инсулиннорезистетности HOMA-IR и CARO. Кроме того на этом фоне наблюдаются увеличение белка S100, β-амилоидного и tau белка, которые являются характерными симптомами и маркерами болезни Альцгеймера по классификации ВОЗ.

Следует отметить, что в срезах исследованных тканей мозга не наблюдается заметного снижения экспрессии инсулиновых рецепторов, за исключением срезов обонятельной луковицы (ОЛ).

Результаты показали, что высококалорийная и атерогенная диета оказывает заметное влияние на уровень переносчиков глюкозы во всех исследованных тканях мозга. В частности, в срезах гиппокампа наблюдается снижение уровня GLUT4 на 15% и 37%, в срезах стриатома на 30% и 75 % и в ОЛ на 13% и 60% соответственно относительно интактной группы животных. Содержание переносчика глюкозы - GLUT4 во всех исследованных зонах мозга снижается, что является, на наш взгляд, основным фактором, вызывающим инсулинорезистетность в тканях мозга при воспроизведении экспериментальной модели СНДС- Д3.

САМ–68 АЛКАЛОИДИНИНГ КСl БИЛАН ИНДУЦИРЛАНГАН КАЛАМУШ АОРТА ҚИСҚАРИШИГА РЕЛАКСАНТ ТАЪСИРИ

Собиров С.Б.[1], Зарипов А.А.[2], Есимбетов А.Т.[1],
Усманов П.Б.[2], Жўракулов Ш.Н.[3]

[1]Бердах номидаги Қорақалпоқ давлат университети
Ўзбекистон, Қорақалпоғистон республикаси, Нукус, Абдиров кўчаси, 1
[2]ЎзМУ ҳузуридаги Биофизика ва биокимё институти
Ўзбекистон, Тошкент, Олмазор тумани, талабалар кўчаси, 174
[3]ЎзР ФА Ўсимлик моддалар кимёси институти
Ўзбекистон, Тошкент ш., Мирзо Улуғбек т., Мирзо Улуғбек шоҳ кўчаси, 77
e-mail: salimz10@mail.ru

Маълумки, силлиқ мускул ҳужайраси (СМҲ) нинг қисқариш фаоллиги плазмалеммада жойлашган потенциалга боғлиқ $Ca^{2+}{}_{L}$-каналлари активацияси билан боғлиқ ҳисобланади. Қон томир СМҲлари функционал фаоллиги таъминланишида $[Ca^{2+}]_{in}$ динамик ўзгариши марказий аҳамиятга эга бўлиб, СМҲсида KCl ёрдамида юзага келтирилган қисқариш кучи бевосита $Ca^{2+}{}_{L}$–канали активацияси билан боғлиқлиги тасдиқланган. Бунда айрим релаксант

агентлар қон томир СМҲси плазмалеммасида жойлашган $Ca^{2+}{}_{L}$–канали фаоллигини сусайтириши орқали таъсир кўрсатиши қайд қилинади. Шу сабабдан ушбу ишнинг мақсади САМ–68 алкалоидининг KCl билан индуцирланган каламуш аорта препарати қисқариш фаоллигига таъсирни ўрганишдан иборат.

Тажрибалар оқ, зотсиз каламушларнинг (200-250 г) аорта қон томир препаратларида олиб борилди. Тайёрлаб олинган аорта (~3-4 мм) препарати Кребс – Хенселайт физиологик эритмаси ((мМ): NaCl 120,4; KCl 5; $NaHCO_3$ 15,5; NaH_2PO_4 1,2; $MgCl_2$ 1,2; $CaCl_2$ 2,5; $C_6H_{12}O_6$ 11,5; *pH* 7.4.) билан перфузияланган махсус камерага (5 мл) жойлаштирилди. Физиологик эритма карбоген (95 % O_2, 5 % CO_2) билан оксигенланди ва ҳарорати U-8 ультратермостати ёрдамида +37 °Сда ушлаб турилди. Қисқариш кучи Grass FT.03 (Grass-Telefactor, США) механотронида қайд қилиниб, ундан сигнал кучайтиргичга узатилди ва компьютерда маҳсус программа ёрдамида ёзиб олинди.

Тажрибаларда KCl (50 мМ) билан индуцирланган аорта препарати қисқариш фаоллигига САМ–68 дитерпеноид алкалоидининг дозага боғлиқ кучли релаксант таъсирга эга эканлиги аниқланди. Бунда, ушбу САМ–68 алкалоиди 1 мкМ концентрацияда 50 мМ KCl ёрдамида чақирилган аорта препарати қисқариш кучини назоратга нисбатан 14,8±2,3 % га камайириши кузатилган бўлса, 2 мкМ да 32,7±3,1 % га, 3 мкМ да 54,9±3,6 % га ва максимал 6 мкМ да 92,1±3,8 % га камайтириши аниқланди.

Хулоса ушбу олинган натижалар САМ–68 алкалоидининг KCl билан индуцирланган аорта қисқариш фаоллигига релаксант таъсир кўрсатиши аниқланди ва бу, СМҲлари плазмалеммасида жойлашган потенциалга боғлиқ Ca^{2+}-каналларини блокланиши натижасида ҳужайрага Ca^{2+} ионлари киришини камайиши билан боғлиқ бўлиш мумкинлиги таҳмин қилинди.

ИСПОЛЬЗОВАНИЕ МЕСТНЫХ ШТАММОВ БАКТЕРИЙ *BACILLUS THURINGIENSIS* В БОРЬБЕ ПРОТИВ САРАНЧИ *(Locusta migratoria m.)*

Нормаматова Ф.С., Ташмухамедова Ш.С., Кадирова З.

Национальный университет Узбекистана имени Мирзо Улугбека
Узбекистан, Ташкент, Алмазарский район, ул. Университетская, 4

В настоящее время насекомые приводят большой ущерб сельскохозяйственным культурам снижая их ценности и продуктивности. Поэтому для повышения плодородия и устойчивость растений к болезням и вредителям используются разные химические инсектицидные препараты. Известно, что применение химических инсектицидов влечет за собой необратимые негативные последствия для окружающей среды и человека. Формирование резистентности к различным препаратам у насекомых, в частности у саранчи (*Locusta migratoria m.)* которой всё большее распространяются на территории в нашей республике, и вынуждает повышать кратность применения химических препаратов. Саранча (*Locusta migratoria m.)* встречается в приграничных районах Узбекистана. Она обитает во всех районах Сурхандарьинской и Кашкадарьинской областей Узбекистана, на пастбищах Навоийской, Самаркандской, Джизакской, Сырдарьинской, Ташкентской областей и Ферганской долины. Появляясь в конце марта, а в годы прохладной весны – в середине апреля, саранча поражает все сельскохозяйственные культуры. Особенно она вредна для ячменя, пшеницы, белого овса, проса, кукурузы, табака, люцерны, хлопка и дыни.

В связи с этим, в последние годы все большее внимание, как ученых, так и практиков привлекают микробиологические методы борьбы с вредителями растений. В отличие от ядохимикатов, микробные инсектициды обладают специфически избирательным действием на насекомых-вредителей, относительно безвредны для человека и окружающей его фауны и флоры. Одним из наиболее эффективных и широко применяемых средств борьбы против

насекомых, в частности против саранчи (*Locusta migratoria m.)* являются препараты на основе грамположительной спорообразующей бактерии *Bacillus thuringiensis*. Это связано с тем, что патогенное действие *Bacillus thuringiensis* на насекомых связано с токсинами и другими метаболитами бактерий. Надо отметить, что подавляющее большинство выпускаемые биопрепараты в мире производятся на основе энтомопатогенных штаммов *B. thuringiensis*, поэтому поиск и изучение новых местных штаммов *B.thuringiensis* с высокой энтомоцидной активностью всегда актуален и необходим для расширения ассортимента экологически безопасных агентов защиты растений от вредителей.

В связи с этим целью наших исследований являлось изучение энтомоцидной активности разных местных штаммов бактерий *Bacillus thuringiensis* в отношении саранчи. Результаты поиска, выделения, идентификации и биотестирования образцов *Bacillus thuringiensis* обнаруженных Сурхандаринской области периодически в почвах, трупах и живых насекомах. Для изучения энтомоцидной активности бактерий было выделено *из саранчи* (*Locusta migratoria m.)* 5 местных бактериальных изолята относящихся к бактериям рода *Bacillus thuringiensis.*

Результаты *по изучению инсектицидной активности местных штаммов Bacillus thuringiensis* показали, что активными продуцентами β-эндотоксина при культивировании 5 штаммов на различных питательных средах (пептонная, картофельная, молочная среды и спиртовая барда) и наиболее высокую *инсектицидную активность проявили 2 штамма – BT 1 и BT 4*. При этом большинство (80-83 %) насекомые через 14 суток погибали. Изучение влияния этих 2-х штаммов на полезные насекомые - Трихограмму *(Trichogramma)* и Златоглазку (*Neuroptera),* выявило, что они не оказывали на них губительное действие, эти качество явились стимулом широкого их использования в защите растений от вредных насекомых и клещей. Таким образом, было установлено, что выделенные новые местные штаммы *Bacillus thuringiensis,1 и Bacillus thuringiensis, 4* являются перспективными в борьбы с саранчой.

POMIDOR *(SOLANUM LYCOPERSICUM)* ILDIZ RIZOSFERA BAKTERIYALARINING BIOTEXNOLOGIK ISTIQBOLLARI

Roxatalieva H.B.[1], Rajabova D.Sh.[1], Karimov H.X.[2], Azimova N.Sh.[2]

[1]Mirzo Ulug‘bek nomidagi O‘zbekiston Milliy Universiteti
O‘zbekiston, Toshkent shahar, Olmazor tumani, Universitet ko‘chasi, 4
e-mail: devonxona@nuu.uz
[2]O‘zR FA Mikrobiologiya instituti
O‘zbekiston, Toshkent, A. Qodiriy ko‘chasi, 7B
e-mail: microbio@academy.uz

Keyingi vaqtlarda jadal rivojlanib borayotgan texnologiyalar asosida intensiv ravishda oziq-ovqat mahsulotlarini yetishtirishga e’tibor kuchayib bormoqda. Aholini mavsumga bog‘liq bo‘lmagan tarzda qishloq xo‘jaligi mahsulotlari bilan yetarlicha ta’minlash maqsadida issiqxonalarda ekinlarni sog‘lom o‘stirish va sifatli, mo‘l hosil olish eng muhim vazifalar qatoriga kiradi. Bu nafaqat aholini mahsulotlar bilan ta’minlash, shu bilan bir qatorda ularni oziq-ovqat xavfsizligini kafolatlash bo‘yicha ham, bir qator uyushgan tadqiqotlarni o‘z ichiga oladi. Namangan viloyati Pop tumani “Lemon house” MCHJ da pomidor yetishtirilayotgan issiqxonalarning tuproq mikrobiomida patogen bakteriyalar mavjud yoki mavjud emasligini aniqlash maqsadida tadqiqot o‘tkazildi.

Tuproq namunalari pomidor ildiz atrofi va rizosferasidan olindi. Tuproqdan namuna olish GOST 17.4.3.01-83 va 17.4.4.02-84 asosida olib borildi. Tuproqdan bakteriyalarni ajratib olishda ketma-ket suyultirish usulidan foydalanildi. 5- va 6-darajada suyultirilgan namunasi Go‘sht peptonli agar (GPA) ozuqa muhiti solingan Petri likopchalariga ekildi. Ozuqa muhitiga ekilgan namunalar 28 °C da termostatda inkubatsiya qilindi. Bakteriyalarning o‘sishi 24 soatdan boshlab 4 kungacha kuzatildi. GPA ozuqa muhitida tuproq namunalaridan o‘sgan bakteriyalarning alohida koloniyalari xuddi shu ozuqa muhitida shtrix usulida takroriy ekish orqali ajratib olindi. Sof holda ajratib olingan bakteriyalarning koloniyasining tuzilishi, rangi, o‘lchami o‘rganildi. Shuningdek, izolyatlardan fiksatsiyalangan preparatlar tayyorlandi va Gram

usulida bo‘yalib, x 100 ob’ektivda, XSP-136 B va N-300M(UCMOSO9000KPB) markali mikroskopda (1000 marta kattalashtirilgan) immersion moyi ostida tekshirildi. Ajratib olingan bakteriyalarning turlari klassik usulda va Maldi, “Bruker” uskunasida MALDI-TOF usulida identifikatsiya qilindi.

Olib borilgan tadqiqotlar natijasida 16 ta bakteriya izolyatlarining sof kulturalari ajratib olindi. Ular orasida morfologiyasi bo‘yicha farqlangan 7 ta izolyat tanlab olindi va ular identifikatsiya qilindi.

Identfikatsiya natijalariga ko‘ra o‘rganilgan tuproq namunalarida *Pediococcus acidilactici, Brevibacterium linens, Basillus simplex, Alkalihalobacillus clausii, Pediococcus acidilactici, Basillus megaterium, Chryseobacterium sp.* bakteriyalari mavjud ekanligi ma’lum bo‘ldi. Ushbu bakteriyalarning tarqalishi va xususiyatlari adabiyot ma’lumotlari asosida tahlil qilindi.

Olib borilgan adabiyotlar tahlililari asosida ajratib olingan ushbu bakteriya shtammlari orasida fitopatogenlik xususiyatiga ega bakteriyalar mavjud emasligi ma’lum bo‘ldi. Xususan, *Pediococcus acidilactici, Alkalihalobacillus clausii* - probiotik sifatida, *Brevibacterium linens va Basillus simplex* - antagonist sifatida, *Basillus megaterium* va *Chryseobacterium sp.* fitogormonlar hosil qiliuvchi bakteriya shtammlari ekanligi adabiyot manbaalari asosida aniqlandi.

Xulosa qilib aytganda, Namangan viloyati Pop tumani “Lemon house” MCHJ da pomidor yetishtirilayotgan issiqxona tuproqlarida fitopatogen bakteriyalar aniqlanmaganligi, lekin probiotiklik, antagonstlik, fitogormon hosil qiluvchi xususiyatga ega bakteriya shtammlari mavjud ekanligi ma’lum bo‘ldi.

KARTOSHKA (*SOLÁNUM TUBERÓSUM L*) DA KASALLIK QO‘ZG‘ATUVCHI MIKROMITSETLAR

Ravshanov B.A.[2], Risbayev A.K.[1], Karimov H.X.[2]

[1]Toshkent davlat Agrar Universiteti
O‘zbekiston, Toshkent viloyati, Qibray tumani, Universitet ko‘chasi, 2
[2]O‘zR FA Mikrobiologiya instituti
O‘zbekiston, Toshkent, A. Qodiriy ko‘chasi, 7B
e-mail: microbio@academy.uz

Keyingi yillarda tuproq va o‘simliklarning urug‘lik materiallari, hashoratlar, qushlar va boshqa ta’sirlar natijasida patogen mikrofloraning rivojlanish darajasi sezilarli ravishda ortib borayotganligi qishloq xo‘jaligi ekinlarini turli xil fitopatogen kasalliklardan himoya qilish muammosining eng dolzarb masalalardan biriga aylanishiga sabab bo‘lmoqda. Eng ko‘p tarqalgan kasalliklar fitoftoroz, fuzarioz, vertitsillyoz so‘lish, alternarioz, antraknoz kabi zamburug‘li kasalliklar bo‘lib, kartoshka chirishi kabi ko‘p zarar keltiradigan bakterial kasalliklarning keng tarqalganligi qayd etilmoqda. Respublikamizning alohida xududlarida kasallik kuchli rivojlangan yillarda 50-70 % gacha o‘simliklar zararlanadi. Kasallik qo‘zg‘atuvchilar yuqori moslashuvchanlikka ega bo‘lganligi sababli ushbu kasalliklarga qarshi kurash vegetatsiya davrida albatta himoya tadbirlarini tadbiq qilishni talab qiladi.

So‘ngi yillarda aholini sifatli qishloq xo‘jaligi mahsulotlari bilan taminlashga katta e’tibor qaratilishi soha mutahasislari oldiga o‘simliklarni sog‘lom o‘stirish va hosildorlikni oshirish talabini qo‘ymoqda. Bu esa xavfsiz va sifatli oziq ovqat mahsulotlarini yetishtirishda tadqiqotlar olib borishni taqazo etadi. Qishloq xo‘jaligi vazirligi huzuridagi Sabzavot, poliz ekinlari va kartoshkachilik ilmiy-tadqiqot instituti tajriba maydonidagi kartoshka o‘simligidan kasallik keltirib chiqaruvchi zambrug‘larni aniqlash maqsadida namunalar olindi va tadqiqotlar o‘tkazildi.

Fitopatogen kasallik belgilari mavjud bo‘lgan kartoshka o‘simliklarining kasallangan barg, poya va ildiz qismlari kesib olinib, oqar suvda yuvildi, keyin 3 % vodorod pereoksid eritmasida 2-3 minut davomida ishlov berilib, so‘ngra steril vodoprovod suvi bilan ko‘p marta takroriy yuvildi. Steril filtr qog‘ozida quritilib, barg,

poya, ildizning aniq zararlangan va zararlanmagan sog‘lom to‘qimalarini o‘z ichiga olgan qismlaridan 1-3 sm kattalikda kesib olinib, Chapek va kartoshka dekstrozali agar (KDA) ozuqa muhitlari solingan Petri likopchalariga ekib chiqildi.

Ozuqa muhitiga solingan namunalar 22 °C da termostatda, 14 kungacha inkubatsiya qilindi. Alohida belgilar namoyon qilgan koloniyalar qayta ekish orqali sof kulturalar ajratib olindi. Sof kulturalari ajratib olingan mikromitsetlar N-300M(UCMOSO9000KPB) markali mikroskopda (400 marta kattalashtirilgan) mikroskopik ko‘rinishi kuzatildi. Chapek ozuqa muhitida zamburug‘larning koloniyalari o‘stirildi va ularning morfologiyasi o‘rganildi. Ajratib olingan zamburug‘lar klassik usulda, fitopatogen va mikrobiologik aniqlagichlar yordamida identifikatsiya qilindi.

Olib borilgan tadqiqot natijasida 2 ta zambrug‘ sof kulturasi ajratib olindi va ular identifikatsiya qilindi. Identifikatsiya natijalariga ko‘ra o‘rganilgan kartoshka o‘simligi namunalarida *Fusarium* va *Alternaria* turkumi zamburug‘lari mavjud ekanligi ma’lum bo‘ldi. Mikologik tadqiqotlarga ko‘ra *Fusarium* turkumi mikromitsetining morfologik belgilariga ko‘ra koloniyasining chekkalari oq, markazga qarab ko‘k rangga kiradi, momiqsimon, mitseliysi yakka shoxlangan, gifasining eni 2,0-4,0 mkm, makrokonidiysi 3 to‘siqli. Mazkur morfologik belgilariga ko‘ra *Fusarium oxysporum* zambrug‘ turiga mos ekanligi qayd etildi. *Alternaria* turkumi vakilini aniqlashda - mitseliylari shoxlangan, gifalari septalangan, gifasining eni 3-4 mkm, konidiylari teskari silindrsimon, tuxumsimon, ovalsimon, 6-8 kamerali bo‘yi 9-25 mkm gacha ekanligi qayd etildi. Ushbu tur morfologik belgilariga ko‘ra *Alternaria alternata* mikromitsetiga yaqin ekanligi qayd etildi. Lekin bu natijalar tugal xulosani bermasdan keyingi tadqiqotlarda turlarni identfikatsiya qilishda molekulyar genetik usuldan foydalanishni taqozo etadi. Olib borilgan taqdqiqotlarga ko‘ra namuna olingan kartoshkada fusarioz va alternarioz kasallik belgilari mavjud ekanligi qayd etildi. Ajratib olingan mikromitestlarni aniqlash klassik usulda amalga oshirilganda *Fusarium oxysporum* va *Alternaria alternata* zamburug‘lari kasallik qo‘zg‘atuvchilari ekanligi aniqlandi.

ИСПОЛЬЗОВАНИЕ МЕСТНЫХ ШТАММОВ БАКТЕРИЙ *BACILLUS THURINGIENSIS* В БОРЬБЕ ПРОТИВ САРАНЧИ *(Locusta migratoria m.)*

Нормаматова Ф.С., Ташмухамедова Ш.С., Кадирова З.

Национальный университет Узбекистана имени Мирзо Улугбека
Узбекистан, Ташкент г., Алмазорский район, ул. Университетская, 4

В настоящее время насекомые приводят большой ущерб сельскохозяйственным культурам снижая их ценности и продуктивности. Поэтому для повышения плодородия и устойчивость растений к болезням и вредителям используются разные химические инсектицидные препараты. Известно, что применение химических инсектицидов влечет за собой необратимые негативные последствия для окружающей среды и человека. Формирование резистентности к различным препаратам у насекомых, в частности у саранчи (*Locusta migratoria m.)* которой всё большее распространяются на территории в нашей республике, и вынуждает повышать кратность применения химических препаратов. Саранча (*Locusta migratoria m.)* встречается в приграничных районах Узбекистана. Она обитает во всех районах Сурхандарьинской и Кашкадарьинской областей Узбекистана, на пастбищах Навоийской, Самаркандской, Джизакской, Сырдарьинской, Ташкентской областей и Ферганской долины. Появляясь в конце марта, а в годы прохладной весны – в середине апреля, саранча поражает все сельскохозяйственные культуры. Особенно она вредна для ячменя, пшеницы, белого овса, проса, кукурузы, табака, люцерны, хлопка и дыни. В связи с этим, в последние годы все большее внимание, как ученых, так и практиков привлекают микробиологические методы борьбы с вредителями растений. В отличие от ядохимикатов, микробные инсектициды обладают специфически избирательным действием на насекомых-вредителей, относительно безвредны для человека и окружающей его фауны и флоры. Одним из наиболее эффективных и широко применяемых средств борьбы против насекомых, в частности против саранчи

(*Locusta migratoria m.)* являются препараты на основе грамположительной спорообразующей бактерии *Bacillus thuringiensis*. Это связано с тем, что патогенное действие *Bacillus thuringiensis* на насекомых связано с токсинами и другими метаболитами бактерий. Надо отметить, что подавляющее большинство выпускаемые биопрепараты в мире производятся на основе энтомопатогенных штаммов *B. thuringiensis*, поэтому поиск и изучение новых местных штаммов *B.thuringiensis* с высокой энтомоцидной активностью всегда актуален и необходим для расширения ассортимента экологически безопасных агентов защиты растений от вредителей.

В связи с этим целью наших исследований являлось изучение энтомоцидной активности разных местных штаммов бактерий *Bacillus thuringiensis* в отношении саранчи. Результаты поиска, выделения, идентификации и биотестирования образцов *Bacillus thuringiensis* обнаруженных Сурхандаринской области периодически в почвах, трупах и живых насекомах. Для изучения энтомоцидной активности бактерий было выделено *из саранчи* (*Locusta migratoria m.)* 5 местных бактериальных изолята относящихся к бактериям рода *Bacillus thuringiensis.*

Результаты *по изучению инсектицидной активности местных штаммов Bacillus thuringiensis* показали, что активными продуцентами β-эндотоксина при культивировании 5 штаммов на различных питательных средах (пептонная, картофельная, молочная среды и спиртовая барда) и наиболее высокую *инсектицидную активность проявили 2 штамма – BT 1 и BT 4*. При этом большинство (80-83 %) насекомые через 14 суток погибали. Изучение влияния этих 2-х штаммов на полезные насекомые – Трихограмму *(Trichogramma)* и Златоглазку (*Neuroptera),* выявило, что они не оказывали на них губительное действие, эти качество явились стимулом широкого их использования в защите растений от вредных насекомых и клещей. Таким образом, было установлено, что выделенные новые местные штаммы *Bacillus thuringiensis,1 и Bacillus thuringiensis, 4* являются перспективными в борьбы с саранчой.

VIRULENCE PROPERTIES OF *AGROBACTERIUM TUMEFACIENS* ISOLATED FROM GALLS ON WALNUT ORCHARDS

Valieva S.I., Eshbekova G.G., Ismailov Z.F.

Samarkand State University named after Sharof Rashidov
University Boulevard 15, Samarkand, Uzbekistan
e-mail:guljakhonbio@mail.ru

Agrobacterium tumefaciens, a phytopathogen, can damage a variety of plant species, including tomato, Gynura aurantiaca, avocado, grapefruit, and soybean. The initial step in this process is the attachment of the bacteria to the host cells, a mechanism that has been studied in detail. This attachment can lead to the formation of crown gall tumours in dicotyledonous plants. This virulence is influenced by a range of factors, including the strain of the bacterium, the type of tissue it interacts with, and specific physical and chemical factors. The presence of the plant hormone indole-3-acetic acid (IAA) has been shown to significantly enhance the virulence of A. tumefaciens on cucumber plants. These findings collectively highlight the complex and multifaceted nature of *A. tumefaciens'* virulence on plants.

The samples from the walnut seedlings displaying tumors were gathered in polyethylene bags from the walnut plantations situated in the Samarkand region of Uzbekistan. The fresh galls were delicately removed and rinsed in flowing water to eliminate debris. Small segments of viable tissues were diced using a sterilised scalpel and washed three times in sterilised distilled water. A loopful of the suspension was streaked onto the selective D1 medium, followed by the examination of individual colonies using Benedict's test. The colonies identified as representative of Agrobacterium were subsequently streaked again on an LB medium for purification.

Discs derived from carrot (*Daucus carrota L.)* underwent the process of sterilization before being positioned in a petri dish alongside moist filter paper. Subsequently, each disc was subjected to pulverization using 100µl of concentrated

inoculum. The culture plates were then placed in incubation at ambient temperature while maintaining dark conditions. Following a period of 3 weeks, an inspection was conducted on the discs to detect the presence of microtumors.

Kalanchoe daigremontiana leaf assays. Expanded leaves of greenhouse grown plants were scratched with a sterile gauge needle and inoculated with 2 μL of bacteria grown in LB broth. Leaves were photographed 21 d after inoculation.

As a result of the research, 120 isolates of *A. tumefaciens* were isolated from galls on infected seedlings in walnut plantations in Jomboy, Bulungur and Payariq districts of Samarkand region. 41 of these isolates showed virulence properties on carrot discs and leaves of *Kalanchoe daigremontiana*. In the next studies, it was aimed to carry out molecular-genetic analyses of these virulent and non-virulent isolates.

МЕТАЛЛ КОМПЛЕКСЫ ФЕНОЛЬНЫХ СОЕДИНЕНИЙ – ФАРМАЦЕВТИЧЕСКИЕ СУБСТАНЦИИ С УЛУЧШЕННЫМИ СВОЙСТВАМИ

Абдулладжанова Н.Г.[1], Мавлонова М.Г.[2],
Юнусходжаева Н.А.[3], Мавлонов Г.Т.[4]

[1]Институт Биоорганической химии АН РУз
Узбекистан, Ташкент, М. Улугбекский район, просп. М. Улугбека, 83
e-mail: anodira73@rambler.ru
[2]СП ООО «Aseptica»
Узбекистан, Ташкент, Яккасарайский район, ул. Кушбеги, 6/блок 8
[3]Ташкентский фармацевтический институт
Узбекистан, Ташкент, Мирабадский район, ул. Айбека, 45
[4]СП ООО «Федорович клиникаси»
Узбекистан, Ташкент, Мирабадский район, просп. А. Темура, 39

Флавоноиды, фенольные кислоты и танины растений находят широкое применение в виде различных лекарственных форм. Химическая лабильность ароматической гидроксильной группы в молекуле упомянутых фенольных соединений является причиной короткого срока годности фармацевтических субстанций и препаратов на их основе. В то же время, особенности строения

полифенольных соединений позволяет формировать стабильные комплексные соединения с ионами металлов именно с участием гидроксильных групп. Формирование комплексов металл-полифенол рассматривается как наиболее доступный способ улучшения фармацевтического потенциала препарата фенольного происхождения. Так, флавоноиды имеют несколько сайтов связывания металлов: пара 3`- и 4`-гидроксильные группы кольца B (катехольная группа), гидроксильная группа при положении 3 и гидроксил карбонильной группы положения 4 кольца C, а также 5-гидроксильная и 4-карбонильная группы, принадлежащие кольцам A и C соответственно с большей вероятностью участвуют в формировании комплекса флавоноида с металлами переходной группы.

В качестве модели в нашей работе были выбраны следующие флавоноиды: кверцетин (5 гидроксильных групп и 1 карбонил) физетин (4 гидроксила и 1 карбонил) и нарингенин (3 гидроксила и 1 карбонил). Реакцию комплексо-образования проводили в водных, водно-спиртовых и спиртовых растворах. В технологическом плане, для выделения продукта реакции и последующей его очистки спиртовая среда была предпочтительной. В качестве источника комплексообразующих ионов металлов применяли их спирторастворимые соли $FeCl_3$, $CuCl_2$, $Mn(CH_3COO)_2$, $MgCl_2$, $Zn(NO_3)_2$. Синтез и очистку комплексов проводили в аналитическом масштабе (в пределах 1-5 мМ фенольного компонента и соли металла) и полупрепаративном (до 0.5 М реагирующих компонентов). Стехиометрическое соотношение Флавоноида и металла меняли в пределах от 1:1 до 1:5. Кислотность реакционной среды регулировали нейтральными по отношению комплексообразования реагентами (растворы HCl или NaOH). Реакцию проводили при комнатной температуре, перемешиванием в течение 3 часов. Избыток иона металла удаляли фильтрованием реакционной смеси через картридж с сульфо-катионитом. В случае формирования нерастворимого в спирте комплекса продукт реакции отделяли фильтрованием (центрифугированием) и осадок промывали небольшим объемом спирта.

Продукт реакции испытывали с помощью тонкослойной хроматографии на пластине силикагеля применяя смесь растворителей изопропанол-аммиак-вода (7:1:3), а также с помощью ВЭЖХ (колонка С18, мобильная фаза – градиент метанола от 5 до 80 % в 50 мМ ацетатном буфере pH 6).

В нейтральных (pH 5.5-7.0) и слабокислых условиях удалось формировать комплексы со стехиометрическим соотношением флавоноид: металл 3:1, тогда как при pH ≥9 формируется осадок спиртонерастворимого комплекса состава 1:1. Полученные комплексы всех трех флавоноидов на основе меди, железа и марганца показали 3х-4х кратное увеличение биоцидности (антимикробная активность по отношению *E.coli*) при сохранении исходной антиоксидантной активности или небольшое ее увеличение (по удалению свободных радикалов 2,2-дифенил-1-пикрилгидразила – DPPH). Комплексы магния и цинка показали сохранение исходной или увеличение до 20 % антимикробной активности и двухкратное увеличение анти – DPPH активности.

Комплексы рассматриваются как фармацевтическая субстанция, с улучшенными технологическими и биологическими свойствами.

F-4 VA F-36 IZOXINOLIN ALKALOIDLARNING MUSBAT INOTROP TA’SIRIDA Na^+/K^+ ATFAZANING ISHTIROKINI BAHOLASH

Boboyev S.N.[1], Jumayev I.Z.[1], Usmanov P.B.[1], Jurakulov Sh.N.[2]

[1]O‘zMU huzuridagi Biofizika va biokimyo instituti
O‘zbekiston, Toshkent sh., Olmazor tumani, talabalar ko‘chasi, 174
[2]O‘zR FA O‘simlik moddalar kimyosi instituti
O‘zbekiston, Toshkent sh., Mirzo-Ulug‘bek t., Mirzo Ulug‘bek shoh ko‘chasi, 77
e-mail: sadriddin-2022@mail.ru

Dunyo olimlari tomonidan bugungi kunda, yurak qon-tomir tizimi kasalliklari kardiomiotsit membranasi ion kanallari funksiyasining buzilishi natijasida yuzaga kelishi isbotlangan. ion kanallar funksiyasini farmakalogik modulyatsiya qilish yurak qon-tomir tizim kasalliklarining oldini olish va davolashda muhim ahamiyat kasb etadi.

Shuni onobatga olgan holda kardiomiotsit membranasi Na^+/K^+–АТФазasiga F-4 va F-36 izoxinolin alkaloidlarining ta’siri tekshirildi.

Tajribalar O‘zMU huzuridagi Biofizika va biokimyo instituti Hujayra biofizikasi laboratoriyasida amalga oshirildi, unda oq zotsiz kalamush (100-250 gr.) yuragidan ajratib olingan papillyar muskullardan foydalanildi. Tadqiqotlar *in-vitro* sharoitda paillyar muskul qisqarish faolligini qayd qiluvchi qurilma yordamida amalga oshirildi. Papillyar muskul preparati quyidagi tarkibdagi Krebs fiziologik eritmasi bilan doimiy perfuziya qilindi: NaCl – 150; KCl –4; $CaCl_2$ – 1,8; $MgCl_2$ – 1; $NaHCO_3$ –14; NaH_2PO_4 –1,8; $C_6H_{12}O_6$ –11,5; (pH=7,4).

Tadqiqotlarda F-4 va F-36 izoxinolin alkaloidlarning musbat inotrop ta’sirida Na^+/K^+ ATFazaning ishtirokini baholash uchun ouabain yordamida tajribalar olib borildi. Ouabain Na^+/K^+ ATFazani ingibirlab kardiomiotsitlarda Na^+ miqdorining ortishiga olib keladi, hamda Na^+/Ca^{2+} almashinuv tizimi orqali hujayraga Ca^{2+} ionlar kirishining ko‘chayishi hisobiga yurak papillyar muskul qisqarish kuchini oshiradi. Ouabain (20 mkM) papillyar muskul qisqarish faolligiga musbat inotrop ta’sir kursatib nazorat (nazotar 100% olingan) ga nisbatan 81.9±4.8% ga oshirilishi kuzatildi. Ouabain mavjud sharoitda F-4 (120 mkM) va F-36 (100 mkM) izoxinolin alkaloidlari tekshirilganda, kalamush yuragi papillyar muskul qisqarish kuchini qo‘shimcha 30.2±3.9% va 50.2±4.5% ga oshirilishi aniqlandi.

Xulosa qilib shuni aytish mumkinki o‘rganilayotgan F-4 va F-36 izoxinolin alkaloidlari Na^+/K^+ ATFazaning ouabain bilan ingibirlangan sharoitda Na^+/Ca^{2+} almashinuv tizimini faollashtirib hujayra ichiga Ca^{2+} ionlari kirishini ko‘chaytiradi va yurak papillyar muskul qisqarish kuchini oshiradi deb taxmin qilish mumkin.

BACILLUS AVLODIGA MANSUB BAKTERIYA SHTAMMLARINING BIOLOGIK FAOLLIGI

Rajabova D.Sh.[1], Roxatalieva H.B.[1], Karimov H.X.[2], Azimova N.Sh.[2]

[1]Mirzo Ulug‘bek nomidagi O‘zbekiston Milliy Universiteti
O‘zbekiston, Toshkent shahar, Olmazor tumani, Universitet ko‘chasi, 4
e-mail: devonxona@nuu.uz
[2]O‘zbekiston Fanlar Akademiyasi Mikrobiologiya instituti
O‘zbekiston, Toshkent, A. Qodiriy ko‘chasi, 7B
e-mail: microbio@academy.uz

Bugungi kunda oziq ovqatga bo‘lgan talab, qishloq xo‘jaligi mahsulotlarini rejadan ortiq yetishtirish vazifasini kun tartibiga olib chiqmoqda. Ammo keyingi yillarda qishloq xo‘jaligi ekinlarida jumladan, sabzavot ekinlarida turli kasalliklarning kuzatilayotganligi ushbu vazifalarni amalga oshirishda muhim muammolardan biri bo‘lib qolmoqda. Natijada, o‘simlik kasalliklarini keltirib chiqaruvchi mikroorganizm va zararkunanda hasharotlar orqali qishloq xo‘jaligi mahsulotlari katta miqdorda zarar ko‘rmoqda. Respublikamiz hududida o‘simliklarda kasallik keltirib chiqaruvchi fitopatogenlar sababli 1,4 trillion dollar miqdorga teng zarar yetkazilishi, bu esa qishloq xo‘jaligida yalpi ichki mahsulotning 5 % ini tashkil qilishi, shuningdek, dunyo miqyosida zararkunanda hasharotlar va fitopatogen mikroorganizmlar orqali qishloq xo‘jaligi mahsulotlari 20-25 % atrofida zarar ko‘rishi qayd etilmoqda. Hozirgi paytda o‘simlik kasalliklariga qarshi kurash uchun mo‘ljallangan bakterial preparatlar asosan, ikkita - *Pseudomonas* va *Bacillus* - avlodlari ishtirokida tayyorlanadi.

Ushbu tadqiqot kasallangan poliz ekinlari - shirin qalampir, pomidor bargi, poyasi, mevasidan hamda kartoshka bargi va tuganagidan ajratib olingan *Bacillus* avlodiga mansub bakteriya shtammlarining faol antagonistlarini ajratib olish va ularning antifungal faolliklarini o‘rganish maqsadida amalga oshirildi.

Buning uchun turli xil sabzavot ekinlarining kasallangan qismlaridan fitopatogen bakteriyalar bilan birga antagonist bakteriyalar ham ajratib olindi. Hamda tadqiqot

uchun sabzavot ekinlaridan ajratilgan faqat antagonist bakteriya shtammlaridan foydalanildi.

Shirin qalampir bargidan *B. subtilis 6/23*, *B. subtilis 6/20*, pomidor poyasidan *B. pumilus 2/17*, *B. safensis 3/11*, kartoshka bargidan *B. pumilus 4/24*, *B. pumilus 1/2*, *B. subtilis 1/17*, *B. subtilis 1/16*, *B. paramycoides 1/15* bakteriya shtammlarining GPA (go‘sht peptonli agar) ozuqa muhitida qayta ekish orqali toza kulturalari ajratib olindi. Ajratib olingan bakteriya shtammlarining fitopatogen *F. solani 915*, *A.alternata 879*, *V. dahliae 936*, *S. chartarum 9/17*, *A. flaus 1/15* zamburug‘ shtammlariga nisbatan antagonistlik xususiyatlari o‘rganildi.

Olib borilgan tadqiqotlar davomida *B. subtilis 1/16 shtammi V. dahliae 936* mikromitsetiga nisbatan 0 mm, *A. flaus 1/15* ga nisbatan 39 mm, *S. chartarum 9/17* zamburug‘iga nisbatan 30 mm, *A.alternata 879* ga nisbatan 37 mm, *F. solani 915* ga nisbatan 39 mm zona hosil qilishi aniqlandi. *B. subtilis 1/17* shtammi *F. solani 915* va *A. flaus 1/15* zamburug‘iga antagonistlik namoyon qilmadi. *S. chartarum 9/17* ga nisbatan 31mm, *A.alternata 879* ga nisbatan 34 mm, *V. dahliae 936* ga nisbatan 23 mm ingibirlash zonalarini hosil qildi. *B. pumilus* 1/2 bakteriya shtammi *A. flavus 1/15* ga nisbatan 20 mm, *S. chartarum 9/17* ga nisbatan 14 mm antifungal faollik namoyon qildi. *B. paramycoides 1/15* shtammi *S. chartarum 9/17* ga nisbatan 30 mm, *V. dahliae 936* ga nisbatan 40 mm zona hosil qilishi aniqlandi.

Tadqiqotlar davomida kasallangan o‘simliklarning turli organlaridan fitopatogen mikroorganizmlar bilan birgalikda ajratib olingan *Bacillus* avlodiga mansub 9 ta shtamlarning faolliklari fitopatogen mikromitsetlarga nisbatan antifungal faolliklari o‘rganildi. Natijada, ajratib olingan turlar ichida *B. subtilis 1/16* va *B. subtilis 1/17* shtammlari faol antagonsitlik xususiyatiga ega ekanligi aniqlandi. Ushbu shtammlardan kelgusida o‘simliklarni fitopatogenlardan himoya qiluvchi faol antagonistlar sifatida foydalanish mumkin.

XANTHIUM STRUMARIUM VA *XANTHIUM ALBINUM* O‘SIMLIKLARINING YER USTKI ORGANLARIDA UCHRAYDIGAN ZAMBURUG‘LAR XILMA-XILLIGI

Xalillayeva G.O., Toshmatov Z.O., Bozorov T.A., Isoqulov M.Z.

O‘zR FA Genetika va o‘simliklar eksperimental biologiyasi instituti
O‘zbekiston, Toshkent viloyati, Qibray tumani, Yuqori yuz
e-mail: xalillaevagavhar@gmail.com

Hozirgi kunda invaziv turlarning tarqalishi boshqa o‘simlik turlariga nisbatan jadallashib bormoqda. Ular tarqalgan hududlar ortib borayotganligi va har qanday tashqi muhit sharoitiga moslashib ketish xususiyatlari invaziv turlar mikotasiga ham bog‘liq. *Xanthium strumarium* va *Xanthium albinum* qo‘ytikan nomi bilan tanilgan, *Asteraceae* oilasiga mansub invaziv begona o‘tlar bo‘lib, ularni an’anaviy ravishda turli qismlaridan, shu jumladan bargi, ildizi va urug‘i tibbiyotning turli sohalarida ishlatilib kelinmoqda. Respublikamizning deyarli barcha hududlarida (sug‘oriladigan ekin maydonlari, ariq va yo‘l bo‘ylarida) o‘sadi va qishloq xo‘jaligi ekinlarining o‘sishi, rivojlanishi va hosildorligiga salbiy ta’sir ko‘rsatadi. Ularning bunday invazivlik xususiyatlari o‘simlik bilan mikoriza hosil qiladigan va ularning tanasida uchraydigan zamburug‘larning toksik xususiyatlari bilan bog‘liqligi ko‘plab manbalarda keltirilgan. Ushbu tezisda *Xanthium* turkumiga mansub *X.strumarium* va *X.albinum* o‘simliklarning yer ustki o‘rganlarida uchraydigan zamburug‘lar haqida umumiy ma’lumotlar keltirilgan.

Xanthium albinum va *Xanthium strumarium* o‘simliklarida zamburug‘lar bo‘limining arbuskulyar mikorizal zamburug‘laridan tashqari boshqa vakillari ham uchraydi. O‘simliklarning yer ustki organlarida uchraydigan zamburug‘larni o‘simliklar bilan munosabatiga ko‘ra endofit, saprofit va patogen turlariga ajratiladi. Endofitlar-o‘simlik to‘qimalarining ichida koloniyalar hosil qilib, odatda o‘simliklar bilan simbiotik bog‘lanishda hayot kechiradi. Endofitik zamburug‘lar qishloq xo‘jaligida o‘simliklarning o‘sishiga ijobiy ta’sir ko‘rsatadi. *Xanthium albinum* va *Xanthium strumarium* o‘simliklarida endofit zamburug‘lardan *Cladosporium*,

Alternaria va *Colletotrichum* o‘rganilgan. Endofit zamburug‘lar o‘simliklar qurg‘oqchilik, sho‘rlanish va yuqori harorat kabi turli ekologik stresslarga bardoshliligini oshiradi ya’ni stress bilan bog‘liq gormonlar ishlab chiqarishni kuchaytirib, o‘simlikning suv hamda ozuqa moddalarni o‘zlashtirish qobiliyatini oshiradi. Shu bilan birga o‘simliklarga bakteriya, zamburug‘ va nematodalar kabi patogenlar keltirib chiqaradigan kasalliklarga qarshi turishga yordam beradigan birikmalar ishlab chiqaradi.

Patogen zamburug‘lar o‘simliklarda keng ko‘lamli simptomlarni yuzaga keltirib, jumladan, barglarning so‘lishi, sarg‘ayishi, nekroz (o‘simlik to‘qimalarining nobud bo‘lishi), bo‘yning o‘sishi va deformatsiyalari, o‘sish va hosilning pasayishi ya’ni patogen zamburug‘lar o‘simlikning suv hamda ozuqa moddalarini o‘zlashtirish qobiliyatini susaytiradi. Bu esa qishloq xo‘jaligi ekinlarining o‘sishi va hosilining pasayishi kabi salbiy oqibatlarga olib keladi. Ikkilamchi infektsiyalar: zamburug‘ patogenlari o‘simliklarni zaiflashtirishi, bu ularni boshqa patogenlar yoki zararkunandalar tomonidan ikkilamchi infektsiyalarga ko‘proq moyilligini oshiradi. O‘simlik to‘qimalarining, hatto bir butun o‘simlikning nobud bo‘lishiga sababchi bo‘ladi. Zamburug‘li infektsiyalar gul va mevalar kabi o‘simliklarning reproduktiv tuzilmalariga ta’sir qilib, urug‘lar to‘plami hamda meva hosil qilishining pasayishiga olib keladi. Bunday zamburug‘larga *Fusarium, Rhizoctonia* va *Verticillium* zamburug‘lari misol bo‘ladi.

Kasallik qo‘zg‘atuvchi zamburug‘larni boshqarishning samarali usullari ekinlarni almashlab ekish, qishloq xo‘jaligida tabiiy fungitsidlardan foydalanishni yanada rivojlantirishni taqazo qiladi. Endofit va saprofit zamburug‘lar o‘simliklarning turli abiotik va biotik stresslarga chidamliligini oshirib, tuproqdagi moddalarni parchalab o‘simliklarning o‘zlashtirishini ta’minlaydi.

OROLNI QURIGAN TUBIDA ENDI SHAKLLANAYOTGAN KUCHLI SHO‘RLANGAN QOLDIQ BOTQOQ, QUMLI CHO‘L TUPROQLARINING TURLI QATLAMLARIDA MIKROORGANIZMLAR OLAMINI MONITORING QILISH

Abdukarimov B.B., Normurodova Q.T., Abdraxmanov T., Karimboeva M.Q., Rajabova S.A., G‘affarova H.F., Axmedova M.O.

Mirzo Ulug‘bek nomidagi O‘zbekiston Milliy Universiteti
O‘zbekiston, Toshkent shahar, Olmazor tumani, Universitet ko‘chasi, 4

Bugungi kunda, Orolni qurigan tubida endi shakllanayotgan kuchli sho‘rlangan qoldiq botqoq, qumli cho‘l tuproqlarining turli qatlamlarida mikroorganizmlar olamini monitoring qilish, faol izolyatlarni ajratib olish va ulardan mikrobiologik preparatlarning yangi avlodini yaratish asosida bu kabi tuproqlar unumdorligini oshirish va o‘simliklarning yangi dunyosini qayta tiklash muhim muammolardan birini tashkil qiladi. Orolni qurigan tubida tarqalgan sho‘rlangan, qoldiq botqoq, qumli cho‘l tuproqlaridan ajratish, ularning tur tarkibini aniqlash, mikrobiologik va assotsiativ-simbiotik xususiyatlarini o‘rganish, NKP (azot, kaliy va fosfor) o‘zlashtirish imkoniyatlarining an’anaviy shtammlarga nisbatan afzalliklarini o‘rganish ishning asosiy maqsadlaridan biri hisoblanadi. Bunday hududlarda ham o‘simliklarni rivojlanishiga ijobiy ta’sir qiluvchi, hattoki mevali o‘simliklar florasini qayta tiklashda ham qo‘llaniladigan samarali mikrobiologik preparatlarning yangi avlodlarini yaratish va ishlab chiqarish istiqbollarini ochadi.

Tadqiqotda Orolning qurigan tubini sho‘rlangan qoldiq botqoq va qumli cho‘l tuproqlarida mikroorganizmlarni tahlil qilish uchun Orolni qurigan tubida endi shakllanayotgan sho‘rlangan qoldiq botqoq, qumli cho‘l tuproqlaridan namunalar olib kelindi va mikroorganizmlar florasi monitoringi o‘tkazildi. Bunda, tayyorlab qo‘yilgan go‘sht peptonli agar (GPA), Chapek, Eshbi va Gauze kabi ozuqa muhitlariga ekildi. Inkubatsiya 37^{o}C termostatda 48-72 soat davomida amalga oshirildi. Ajratib olingan izolyatlar magniy va kalsiy miqdori nisbatan ko‘proq bo‘lgan ozuqa muhitlariga ekildi, gidroliz zona hosil qilishi aniqlandi. Tanlab olingan izolyatni turini aniqlash uchun

uning DNKsi ajratilib, uning tozaligini tekshirish elektroforez usuli yordamida amalga oshirildi.

Orol tubi qurg‘oqchil, qoldiq botqoq, qumli cho‘l va sho‘rlangan hududlarining mikrobiologik tahlil qilishni o‘rganish shuni ko‘rsatdiki, Orol tubi hududlarining nulevoy nuqtasidagi 0-1sm, 1-19sm, 19-45sm, 45-70sm va 70-85 tuproq qatlamlari o‘rganilib, ulardan 70-85sm oraliqlaridagi tuproq namunalarida turli xil bakteriya va zamburug‘ avlodlariga mansub mikroorganizmlar florasi mavjudligi aniqlangan. Xususan, 0-1sm tuproqda $36x10^6$ ta, 1-19sm tuproqda $11x10^6$ ta, 19-45sm tuproqda $52x10^4$, 45-70sm oraliqdagi tuproq namunasida eng ko‘p mikroorganizmlar florasi uchrashi kuzatilgan bo‘lsa, 70-85sm oraliqlaridagi tuproq namunalarida $137x10^3$ mikroorganizmlar florasi uchrashi aniqlandi. Orol tubi endi shakllanayotgan, ya’ni sho‘rlangan hududlaridan keltirilgan tuproq namunalaridagi mikroorganizmlar asosan 19-30sm va 70-85sm oraliqlaridagi tuproq namunalarida mikroblar olami o‘rganildi. Bunda, Orol tubini sho‘rlangan, qoldiq botqoq va qumli tuproq namunalarini 70-85sm oralig‘idagi izolyatning turli ozuqa muhitlarida o‘sishi va rivojlanishi, eng asosiysi magniy va kalsiyli ozuqa muhitida o‘sib, ularni parchalashi bu izolyatni noyob izolyat ekanligini ko‘rsatadi. Shu noyob izolyatni molekulyar identifikatsiya qilish natijasida uning turini aniqlash uchun xloformli ekstraksiyalash usuli yordamida DNK genomi ajratib olindi. Ajratib olingan DNKni tozalik darajasini tekshirish uchun elektroforez usulida tekshirildi. Tayyor bo‘lgan DNKni turli xil molekulyar-biologik tekshiruvlar, masalan PZR yoki sekvenirlash uchun o‘tkazilgan elektroforez usuli ajratilgan DNK genomi toza ekanligini ko‘rsatdi.

Xulosa qilib aytganda, Orol tubini sho‘rlangan, qoldiq botqoq va qumli tuproq namunalarini 70-85 sm oralig‘idagi ajratib olingan noyob izolyatning DNK genomi elektroforez usuli yordamida toza ekanligi uchun izolyatning turini aniqlash maqsadida sekvenlash usulini amalga oshirishda noyob deb hisoblanayotgan izolyatning DNK genomi bir necha marta ko‘paytirib qo‘yildi. Bu sho‘rlangan va qurg‘oqchil sharoitlarda o‘simliklar florasini qayta tiklanishini ta’minlaydigan biologik faol bo‘lgan mahalliy shtammlar asosidagi mikrobiologik preparatlarni yangi avlodini yaratish imkoniyati hosil qiladi.

MUNDARIJA

I. GENOMIKA, PROTEOMIKA VA BIOINFORMATIKA

Abdukarimov Sh.S., Usmanov D.E. va boshq. G‘o‘zaga abiotik omillarning ta’siri bo‘yicha olib borilgan molekulyar tadqiqotlar……..…….….8

Abdukhalimova S.A., Kurmaeva D.N. va boshq. Effect of ace gene alu 287 (i/d) polymorphism on the risk of development of hypertension disease…….10

Abdullaev A.N. Mahalliy tok (*vitis vinifera* l.) navlariga asosiy zarar yetkazuvchi viruslarni aniqlash.....12

Esirgapova M.T., Ayubov M.S. SARS COV-2 Genomini mutatsiyalanish jarayonining bioinformatik tahlili……..…13

Orifjonova U.A., Ayubov M.S. va boshqa. G‘o‘zaning (*gossypium hirsutum* l) hasharotlarga chidamlilik xususiyatini oshiruvchi *SSA24* geni kiritilgan genetik konstruksiyani transformatsiyaga tayyorlash……14

Рахматова Н.Р., Имамходжаева А.С. и другие. Изучение биотического стресса в некоторых сортах биотехнологического хлопчатника под влиянием заражения штаммами *verticillium dahlia*……..…16

Abduvohidov S.N., Usmanov D.E. va boshq. Pomidor *(Solanum Lycopersicum)* o‘simligida *ToBRFV* virusi kasalligi.....18

Abduvohidova Y.O., Reyimbergenova Z.A. va boshq. 2-toifa qandli diabet kasalligida ace geni Alu287 I/D polimorfizmining ahamiyatini o‘rganish……..19

Alijonova M.T., Usmanov D.E. va boshq. Genetik o‘zgartirilgan organizmlarni qishloq xo‘jaligidagi ahamiyati……..…21

Аманова Г.И., Ишимов У.Ж. ва бошқ. *In vitro* шароитида кучли шўрланган муҳитларга мослаштирилган *nitraria schoberi* микроиҳолларининг аминокислота таркиби……...……22

Имамходжаева А.С., Мамаджанов А. и другие. Влияние разных типов засоления на уровень эндогенного пролина и салициловой кислоты биотехнологического сорта хлопчатника……..…24

Arslanova S.K., Ernazarova Z.A. va boshq. “AD1”, “A1” hamda “G” genomli g‘o‘za turlarining molekulyar-filogenetik tahlili……...……..…26

Axmedova N.S., Karimova S. va boshq. Qulupnay (*fragaria*) meva tarkibini yaxshilash bo‘yicha amalga oshirilgan genetik tadqiqotlar.....28

Babaeva D.T., Saydullaeva Kh. et al. The role of the supramolecular complex inducing the antioxidant system of cotton……..…….……30

Bazarbayeva K.S., Sultanova SH.Y. Mitoxondrial va yadro dnk genetik belgilari yordamida molekulyar sistematika va gelmint turlarini aniqlashdagi ahamiyati……..32

Бабаджанова Ф.И., Убайдуллаева Х.А. ва бошқ. Картошкада (*Solanum tuberosum* l.) *eskimo 1* генини рнк-интерференцияси……34

Mamajonov B.O., Ayubov M.S. va boshq. G‘o‘za (*Gossypium hirsutum* l) hy5 (*elongated hypocotyl 5)* geni RNK interferensiyasining o‘simlik fotomorfogenziga ta’sirini o‘rganish.....36

Babaeva D.T., Kuldoshova K.M. et al. The influence of biostimulants on cotton in salt conditions……..……..38

Bronnikova L.I. Osmoregulation in *Nicotiana tabacum* l. variants to salinity……..…39

Bozorov I.E., Darmanov M.M. va boshq. G‘o‘zada patogen zamburug‘larga qarshi himoya mexanizmida ishtirok etuvchi mikro RNK larning roli.....41

Dolimov A.A., Turayev O.S. va boshq. Yumshoq bug‘doy (*Triticum aestivum* l.) namunalarida tuz stressiga javob beruvchi *TASOS4* genining ekspressiyasi.....43

Bozorov I.E., Darmanov M.M. va boshq. Transgen g‘o‘zada genetik konstruksiya nusxa sonini real vaqtdagi miqdorini PZR orqali baholash.....45

Mamajonov A.B., Darmanov M.M. va boshq. G‘o‘zaning sho‘rga chidamliligini baholashda DNK markerlarining ahamiyati.....47

Jo‘raev J.N., Qurbanbaev I.Dj. va boshq. Bioazot biopreparati bilan ishlov berilgan mahalliy soya nav-namunalari donidagi oqsil miqdorining o‘zgaruvchanligi.....48

Foziljonov Sh., Usmanov D.E. va boshq. O‘zbekistonda yetishtiriladigan yong‘oq *(Juglans regia l.)* navlarining genetik xilma-xilligini mikrosatellit markerlardan foydalangan holda o‘rganishning afzalligi.....50

Mirzakhmedov M.X., Ayubov M.S. va boshq. Makkajo‘xorida eskimo-1 genini o‘chirish orqali qurg‘oqchillikka chidamli liniyalar olish.....51

Mirzakhmedov M.X, Shermatov Sh.E. va boshq. CRISPR yordamida g‘o‘zada (G.*hirsutum*) DMP geni funksiyasi o‘chirilgan liniyalar olish.....52

Butaev M.I., Usmanov D.E. et al. Effect of flowering locus t (FT) genes on plant development……54

Murodov A.A., Ayubov.M.S. va boshq. CRISPR/CAS9 usuli yordamida pomidor o‘simligining biotik va abiotik omillarga chidamliligini oshirish.....55

Nomozova G.I., Nosirov B. va boshq. Pomidorning virusli kasalliklarini diagnostika qilishda molekulyar genetik va immunoferment tahlili usullarining roli.....57

Камбурова В.С., Маматкулова Ш.Х. и другие. Оценка риска появления резистентных организмов и повышения сорного потенциала……..….59

Obidov N.SH., Ayubov M.S. va boshq. RNK interferensiya (RNKi) texnologiyasi orqali olingan barkamol bug‘doy navining unuvchanligini baholash.....63

O‘rmonaliyeva Sh.U. va boshq. O‘zbekistonda 2-toifa qandli diabet bilan kasallangan bemorlarda *cyp2e1* genining uchrash chastotasini o‘rganish.....65

O‘ralov J.S. va boshq. G‘o‘zaning turlararo monosomik F_1 duragayrida xromosoma yetishmovchiliklarini ssr markerlari yordamida aniqlash.....67

Raxmanov B.K., Imamxodjayeva A.S. va boshq. Artemizinin ishlab chiqarishni kuchaytirish uchun somatik embriogenezda gormonlarning ahamiyati……...69

Raxmatova N.R., Imamxodjaeva A.S. va boshq. Abiotik stress shartlariga g‘o‘za tolerantligi metabolomikasi.....70

Raxmanov B.K., Imamxodjaeva A.S. va boshq. Artemizinin moddasining miqdori va sifatini aniqlash.....72

Raxmanov B.K., Imamxodjaeva A.S. va boshq. Metabolitlarni mass spektrometriya usuli yordamida tahlil qilish.....74

Yo‘ldoshxonov A.A., Ayubov M.S. va boshq. Ma’lumot bazalaridan foydalangan holda ayrim hbv genomlarining bioinformatik tahlili……..75

Xamdullayev Sh.A., Bozorov T.A. va boshq. Namangan viloyati g‘o‘za ekin maydonlaridan ajratilagan *fusarium* turkumi zamburug‘larining molekulyar genetik identifikatsiyasi.....76

Xusanbayeva Sh.R., Usmanov D.E. va boshq. Kartoshka (*Solnium tuberosum*) *stphyb* genining haroratga javob reaksiyasi.....78

Sharifjonov A.A., Usmanov D.E. va boshq. *Far1-related sequence* (*frs*) genlar oilasi vakillarining o‘simlik rivojlanishiga ta’siri……..……..80

Sultonova F.A., Usmanov D.E. va boshq. Pomidor *(Solanum lycopersicum)* o‘simligining *tylcv* virusiga chidamliligini oshirish.....81

Raxmatullayev A.I., Mirakbarova Z.M. va boshq. O‘zbekistonda mthfr c677t va a1298c polimorfizmining homila tushishi bilan korrelyatsiyasini o‘rganish.....82

Yusupov A.N., Ayubov M.S. va boshq. Ksilan o-asetiltransferaza 1 sintezini o‘zgartirish orqali olingan soya liniyalarining morfo-biologik o‘zgarishlarini baholash natijalari.....84

Xalquziyeva M.A., Kamolova S.N. va boshq. Molekulyar biologiyaning hozirgi kundagi ahamiyati.....86

Хусенов Н.Н., Норбеков Ж.К. ва бошқ. Ғўзанинг фузариоз вилт касаллигига чидамли номзод генларни биоинформатик таҳлили……...87

Камбурова В.С., Маматкулова Ш.Х. va boshq. Определение острой токсичности и LD_{50} RNAi линий хлопчатника……...88

Ziyodov O.T., Usmanov D.E. va boshq. G‘o‘za (*G.hirsutum* l.) turida abiotik stress omillarga chidamlilikni oshirish.....90

Yusupov H.N., Mirzaxmedov M.X. va boshq. Go‘zada fitoxrom a (*phya*) genini zamonaviy biotexnologik yo‘llar bilan tahrirlash.....91

Абдурахимов А.А. Биоинформатический анализ взаимодействия цитоскелета с мембранными ферментами: влияние на активность Na^+/K^+-АТФ$_{азы}$ и ацетилхолинэстеразы в мембранных препаратах эритроцитов крыс, лишенных спектрин-актиновой сети, с использованием python……..……..93

Авезов Н.Ш., Қодирова Д.А. ва бошқ. Кўкрак бези саратонида pr маркери ва tp53 ген rs17884159 полиморфизмини боғлиқлик аҳамияти……...95

Бобохужаев Ш.У., Абдукаримов Ш.С. ва бошқ. Ғўзанинг хромосомаси-алмашган cs-b04_uz линияси билан маҳаллий навларни ssr-маркерлар асосида молекуляр-генетик ўрганиш……97

Аюбов М.С., Юсупов А.Н. и другие. Наиболее точные мутации в геномах sars-cov-2 выявленные у узбекских пациентов, демонстрируют новые аминокислотные изменения……..….99

Камбурова В.С., Маматкулова Ш.Х. и другие. Оценка риска вертикального и горизонтального переноса генов……..…100

Камбурова В.С., Маматкулова Ш.Х. и другие. Оценка вероятности нецелевого воздействия ген-нокаутных сортов хлопчатника……..102

Нарматов С.Э., Дармонов М.М. ва бошқ. Биостимуляторларни абиотик стрессларга алоқадор номзод генлар экспрессиясига таъсирини аниқлаш…….104

Гаппаров Б.М., Рафиева Ф.У. ва бошқ. Молекуляр маркерлар ёрдамида G.*mustelinum* miers ex watt. ҳамда *G.arboreum* l. ғўза турлари ўртасидаги филогенетик муносабатларни аниқлаш……..……106

Клименко И.А., Антонов А.А. Потенциал ssr-маркеров для характеристики селекционного материала вики посевной и мохнатой……...…108

Нарматов С.Э., Дармонов М.М. ва бошқ. Модел туз стресси шароитида биостимуляторларнинг генларни ифодалаш даражасига таъсири……...…110

Раджапов Ф.С., Салахутдинов И.Б. и другие. Оценка солеустойчивости и уровня экспрессии sos генов у местных сортов хлопчатника…….……...111

Узбеков В.В., Имамходжаева А.С. и другие. Метод количественного вэжх анализа артемизинина в тканях биотехнологических сортов хлопчатника с использованием спектрофотометрической детекции……...113

II. ODAM, O‘SIMLIKLAR VA HAYVONLAR GENETIKASI

Санамьян М.Ф., Рустамов А.Б. и другие. Однородительская элиминация хромосом у межвидового гибрида хлопчатника……...115

Сафиуллина А.К. и другие. Молекулярная эволюция и филогенетический анализ внутривидовых разновидностей у *G.hirsutum* L……117

Норбеков Ж.К., Хусенов Н.Н. ва бошқ. Буғдой навларининг генетик хилма-хиллик даражаси ҳамда филогенетик муносабатлари……..……119

Бобохужаев Ш.У., Санамьян М.Ф. и другие. Получение новой хромосомо-замещенной линии по хромосоме 4 a_t –субенома хлопчатника (cs-b04-uz)

полученной на основе использования моносомной линии и молекулярно-генетических анализов……..…122

Azimov A.A., Shavqiyev J.SH. *G.hirsutum* l. turining turichi duragaylarida qimmatli xo‘jalik belgilari bo‘yicha qarindoshlik depressiyasi.....124

Азимова Л.А., Абдуқодирова Д.Ю. ва бошқ. Ғўзада эртапишарлик белгисининг ирсийланиши…….....126

Бойқобилов У.А., Норбеков Ж.К. ва бошқ. Генларни пирамидалаш технологияси ёрдамида олинган bc_3f_4 генотипларининг морфобиологик белгиларини туз стресси муҳитида баҳолаш……..……128

Mo‘minov H.A., Normurodov Sh.Sh. va boshq. *G.hirsutum* l. x (*G.arboreum* l. x *G.herbaceum* l.) turlararo o‘zaro chatishishi va f_0 duragay ko‘saklarida urug‘ tugilishi.....130

Muxammadaliyev R.I., Makmov A.X. va boshq. *G.hirsutum* l. x *G.barbadense* l. turlararo chatishtirib olingan f_0 va f_1 duragay avlodlar tahlili.....132

Mamajonov A.B., Darmanov M.M. va boshq. G‘o‘za genotiplarini sho‘rga chidamliligini baholash.....133

Набиев С.М., Абдурасулов Ф.Ш. ва бошқ. Ўрта толали ғўза тизмаларида турли сув режими шароитларидаўсимлик маҳсулдорлиги ва битта кўсакдаги пахта вазни белгиларининг намоён бўлиши.....135

Mo‘minov H.A., Shamuratova M.E. va boshq. Tur ichi duragaylarida ko‘sak shakli belgisining irsiylanishi…….....137

Murodova S.M., Bozorov T.A. et al. Fusarium wilt of chickpea….....……138

Набиев С.М., Раҳимова Г.Х. ва бошқ. *G.hirsutum* l. турига мансуб рангли толали ғўзани етиштиришнинг афзалликлари……...……...141

Normamatov I.S., Makamov A.X. va boshq. *Gossypium hirsutum* l. turiga mansub recombinant inbred liniyalarining laboratoriya sharoitida morfobiologik belgilarini tuz stressiga ta’siri.....143

Ochilov B.O., Meliev S.K. va boshq. Bug‘doyning bekkross populyatsiyalarida sariq zang kasalligiga chidamliligining irsiylanishini fenotipik baholash.....145

Shavqiyev J.Sh., To‘lqinova X.Sh. va boshq. Turli suv rejimi sharoitida yetishtirilgan o‘rta tolali g‘o‘za genotiplarining qimmatli-xo‘jalik belgilarini ko‘p tarmoqli tahlili.....147

Saitjanov Sh.A., Azimov A.A. va boshq. Mosh o‘simligining nav va tizmalarini suv tanqisligiga chidamlilik indekslari.....150

Soqiboyeva D.B., Ernazarova D.Q. va boshq. Yumshoq bug‘doy (*Triticum aestivum* l.) turida yotib qolishga chidamlilikni o‘rganishning ahamiyati va foydalanish istiqbollari.....152

Tajibayev G‘.A., Allambergenov T.D. et al. The influence of abiotic factors on the genotype of different wheat varieties and the variability of the productivity……...154

To‘lqinova X.SH., Shavqiyev J.SH. va boshq. Turli suv rejimi sharoitida o‘rta tolali g‘o‘za genotiplarining chigit og‘irligi ko‘rsatkichining tahlili.....156

To‘lqinova X.SH. Tur ichi va turlararo g‘o‘za genotiplarining suv tanqisligiga chidamlilik darajalari hamda turli suv rejimi sharoitida ba’zi morfo-xo‘jalik ko‘rsatkichlari.....158

Хужамбердиева Ш. М. Влияние водообеспеченности на рост и винограда…...159

To‘lqinova X.SH. O‘rta tolali g‘o‘za genotiplarida morfo-fiziologik belgilarining o‘zaro bog‘liqligi ko‘rsatkichlari.....161

Абдурасулов Ф.Ш., Каримов Э.Ё. ва бошқ. Ўрта толали ғўзанинг янги генотипида бош поя баландлиги кўрсаткичларининг популяциялар фенотипида намоён бўлиши.....162

Абдурасулов Ф.Ш., Эргашев О.Р. ва бошқ. *G. hirsutum* l. нинг т-1336 тизмасида тола чиқими кўрсаткичларининг намоён бўлиши……164

Абдулов И.А., Сейтназарова Т.Е. Действие различных доз гамма-облучения на всхожесть семян пшеницы……..……..165

Азимов А.А., Эргашев О.Р. ва бошқ. Ғўзанинг янги тизмасида тола чиқими кўрсаткичларининг таҳлиллари…….….167

Азимов А.А., Эргашев О.Р. ва бошқ. Бир кўсакдаги пахта вазни белгиси ва ўзгарувчанлик кўламини *g. hirsutum* l. генотипларида намоён бўлиши……...168

Аликулов Э.О., Эргашев О.Р. ва бошқ. *G. hirsutum* l. нинг айрим белгилари кўрсаткичларини популяциялар фенотипида фарқланиши……..170

Азимов А.А., Усманов Д.Э. и другие. Оценка солеустойчивости хлопчатника методом кластерного анализа…….……172

Камбурова В.С., Имамходжаева А.С. и другие. Определение влияния засоления на параметры прорастания семян……...….174

Исомиддинова О.Л., Камбурова В.С. и другие. Влияние модельного солевого стресса на морфологические параметры хлопчатника…….……176

Каримов Э.Ё., Эргашев О.Р. ва бошқ. Бош поя баландлиги кўрсаткичларининг *G. hirsutum* l. да намоён бўлиши…….…..178

Аликулов Э.О., Эргашев О.Р. ва бошқ. Ўрта толали ғўзанинг т-826 тизмаси фенотипида кўсакларнинг намоён бўлиши…….…...179

Каримов Э.Ё., Эргашев О.Р. ва бошқ. Т-826 тизмасининг уч авлод популяциялари фенотипида бош поя баландлиги кўрсаткичларининг намоён бўлиши……...180

Маманазаров Ш.И., Мухаммадов Й.А. ва бошқ. Ғўзанинг “равнақ-2” навида тола чиқими белгисикўрсаткичлари бўйича уч йиллик таҳлилий натижалари……...182

Каримов Э.Ё., Эргашев О.Р. ва бошқ. Ўрта толали ғўза генотипларида умумий ва очилган кўсаклар сонини аниқлаш……..184

Муҳаммадов Й.А., Маманазаров Ш.И. ва бошқ. “Равнақ-1” ғўза нави синов намуналарининг тола чиқими кўрсаткичлари…….…...186

Кушаков Ш.О., Имамходжаева А.С. и другие. Вредоносность ржавого томатного клеща (*Aculops lycopersici*) на томатах.....187

Кушаков Ш.О., Рахматова Н.Р. и другие. Распространение колорадского жука *leptinotarsa decemlinea say: colioptera clrysomelidae* на посевах картофеля.....190

Рафиева Ф.У., Эрназарова Д.К. *G.mustelinum* miers ex watt. турининг бошқа тетраплоид турлар билан турлараро F_1 дурагайларида цитогенетик таҳлил натижалари.....192

Эргашев О.Р., Қаҳҳоров И.Т. ва бошқ. Ғўзада қимматли хўжалик кўрсаткичларининг шакллантирилишида популяцион таркиб имкониятларидан фойдаланишнинг аҳамияти……...…..194

Эргашев О.Р., Азимов А.А. ва бошқ. Ўрта толали ғўзанинг t-1336 тизмасида тола чиқими кўрсаткичларининг намоён бўлиши……..……196

III. MOLEKULYAR BIOTEXNOLOGIYA

Abdullaev A.N., Abdullaev S.A. et al. Propagation of local grape (*Vitis vinifera* l.) varieties *in vitro* conditions…….……198

Abdug‘afforov A.T., Usmanov D.E. va boshq. Issiqxona gazlarini kamaytirishda biotexnologik yondashuv.....199

Жураева Х.К., Мустафина Ф.У. Отбор эксплантов для введения в культуру *in vitro* медицинских видов рода *ungernia* (*u.sewertzowii* (regel) в.fedtsch. и *u. victoris* vved. ex artjush.).....201

Шерматов Ш.Э., Камбурова В.С. и другие. Рекомбинантные растительные вакцины преимущества и недостатки…….……203

Жамалова Д.Н., Мустафина Ф.У. Преимущества микроклонального размножения *ferula sumbul* в условиях *in vitro*……...206

Xazratov A.T., Juraeva X.K. va boshq. *Acer platanoides* l. crimson king (*Asteraceae juss*.) manzarali o‘simlik turini mikroklonal ko‘paytirish.....208

Имамходжаева А.С., Убайдуллаева Х.А. и другие. Каллусогенез в *in vitro* культуре хлопчатника…….……209

Abdullaev A.N., Abdullaev S.A. va boshq. Mahalliy tok eksplantlarini *in vitro* sharoitida ko‘paytirish uchun sterilizatsiya uslublarini ishlab chiqish.....211

Қурбонов К.Ч., Абдирахимова С.Ш. ва бошқ. *Capparis spinosa* ўсимлиги уруғларини *in vitro* га киритиш…….……...212

Мирзаолимова М.М., Жамалова Д.Н. Разведение видов рода *dorema* методом *in vitro*……214

Кулдошова К.М., Ахунов А.А. и другие. Влияния препаратов природного происхождения в условиях засоления на содержание фитогормонов в хлопчатнике…….….216

Turdiyeva N.B., Kadirova Z.A. va boshq. *Petaza* sekretsiyasini kuchaytirish va plastik chiqindilarni kamaytirish uchun *E. coli* muhandisligi…….…218

Zakiryaeva S.I., Allakuliev B.J. Effect of “rakogumin” biopreparation on soil microbiota……...……220

IV. BIOFIZIKA, BIOKIMYO VA MIKROBIOLOGIYANING DOLZARB MUAMMOLARI

Ibragimov E.B., Zaripov A.Z. va boshq. Vinkanidin yod metilat indol alkaloidining vazoaktiv ta’sirini baholash.....222

Ikromov S.A., Mustafakulov M.A. va boshq. Eksperemental alsgeymer modeli hayvonlar laktatdegidrogenaza fermentlarining faolligini o‘rganish.....223

Ишанходжаев Т.М., Артыкбаева Г.М. и другие. Изучение экспрессии инсулиновых рецепторов мозга животных с моделью спорадического нейродегенеративного заболевания.....225

Jumaev I.Z., Boboev S.N. va boshq. Vinkanin va pirozalin indol alkaloidlarining miokard k_{atf}-kanallariga ta’siri.....227

Nizomova D.K. *Candida* avlodiga mansub achitqilarni mineral moyi ostida uzoq muddatli saqlashda fiziologik faolligiga ta’sirini aniqlash.....229

Shodmonova M.K. va boshq. Bakterial selluloza-bioaktiv material.....231

Tokhtayeva F.Sh. P. *major* l. the effect of the sum of polyphenols extracted from the plant on the metabolism of mineral substances and pigment metabolism on the biochemical indicators in the blood in the dynamics of experimental diabetes.....233

Yuldosheva.L.O. Crucial role of neuromediators and hormones in immune reactions.....235

Аманбаева С.С., Мустафакулов М.А. ва бошқ. Нейродененератив касалликларда ил-5 цитокининларнинг миқдорини аниқлаш.....237

Артыкбаева Г.М., Ишанходжаев Т.М. ва бошқ. Патогенетические механизмы развития когнитивных нарушений при сахарном диабете 2 типа.....239

Зарипов А.А., Собиров С.Б. ва бошқ. F-17 ва F-19 алкалоидларининг вазорелаксант таъсирида $К_{атф}$ -каналларининг ролини ўрганиш.....241

Икромов С.А., Мустафакулов М.А. ва бошқ. Нейродененератив касалликларда гексокиназа ферментининг фаоллигини ўрганиш.....242

Маллаева М.М., Мустафакулов М.А. ва бошқ. Токсик гепатитда, Ca^{2+}-ионлари ёрдамида чақирилган митохондрия бўкишига (mptp) полифенол бирикмаларнинг таъсири.....244

Мирзаева Ю.Т., Усманов П.Б. Релаксантное действия 14-о-бензоилкараколина на сократительную активность аорты красы.....246

Нуриева М.У. Буғдойнинг ўсиш-ривожланишида тритерпеноид табиатли бирикмаларнинг стимуляторлик таъсири.....248

Саатов Т.С., Артыкбаева Г.М. и другие. Изменение уровня glut4 в различных отделах мозга крыс с моделью спорадического нейродегенеративного состояния.....249

Собиров С.Б., Зарипов А.А. ва бошқ. САМ–68 алкалоидининг KCl билан индуцирланган каламуш аорта қисқаришига релаксант таъсири.....251

Нормаматова Ф.С., Ташмухамедова Ш.С. и другие. Использование местных штаммов бактерий *Bacillus thuringiensis* в борьбе против саранчи.....253

Roxatalieva H.B., Rajabova D.Sh. va boshq. Pomidor *(Solanum lycopersicum)* ildiz rizosfera bakteriyalarining biotexnologik istiqbollari.....255

Ravshanov B.A., Risbayev A.K. va boshq. Kartoshka (*Solanum tuberosum l*) da kasallik qo‘zg‘atuvchi mikromitsetlar.....257

Нормаматова Ф.С., Ташмухамедова Ш.С. и другие. Использование местных штаммов бактерий *вacillus thuringiensis* в борьбе против саранчи *(Locusta migratoria m.)*.....259

Valieva S.I., Eshbekova G.G. et al. Virulence properties of *Agrobacterium tumefaciens* isolated from galls on walnut orchards.....261

Абдулладжанова Н.Г., Мавлонова М.Г. va boshq. Металл комплексы фенольных соединений – фармацевтические субстанции с улучшенными свойствами.....262

Boboyev S.N., Jumayev I.Z. va boshq. F-4 va F-36 izoxinolin alkaloidlarning musbat inotrop ta’sirida Na^+/K^+ atfazaning ishtirokini baholash.....264

Rajabova D.Sh.[1], Roxatalieva H.B. va boshq. *Bacillus* avlodiga mansub bakteriya shtammlarining biologik faolligi.....266

Xalillayeva G.O., Toshmatov Z.O. va boshq. *Xanthium strumarium* va *Xanthium*

albinum o‘simliklarining yer ustki organlarida uchraydigan zamburug‘lar xilma-xilligi.....268

Abdukarimov B.B., Normurodova Q.T. va boshq. Orolni qurigan tubida endi shakllanayotgan kuchli sho‘rlangan qoldiq botqoq, qumli cho‘l tuproqlarining turli qatlamlarida mikroorganizmlar olamini monitoring qilish.....270