



ГЕНЕТИКА, ГЕНОМИКА
ВА БИОТЕХНОЛОГИЯНИНГ
ЗАМОНАВИЙ МУАММОЛАРИ

Республика илмий анжумани
2017 йил 18 май



СОВРЕМЕННЫЕ ПРОБЛЕМЫ
ГЕНЕТИКИ, ГЕНОМИКИ И
БИОТЕХНОЛОГИИ

Республиканская научная
конференция
18 мая 2017 год

ТАШКЕНТ

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

**ГЕНЕТИКА, ГЕНОМИКА ВА
БИОТЕХНОЛОГИЯНИНГ ЗАМОНАВИЙ
МУАММОЛАРИ**

**РЕСПУБЛИКА ИЛМИЙ АНЖУМАНИНИНГ ТЕЗИСЛАР
ТЎПЛАМИ**

18 май 2017 йил

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

**СБОРНИК ТЕЗИСОВ
РЕСПУБЛИКАНСКОЙ НАУЧНОЙ КОНФЕРЕНЦИИ**

**СОВРЕМЕННЫЕ ПРОБЛЕМЫ ГЕНЕТИКИ,
ГЕНОМИКИ И БИОТЕХНОЛОГИИ**

18 мая 2017 года

Ташкент – 2017 год

Редакционная коллегия:

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

Сборник утвержден в печать решением Ученого совета Центра (протокол № 5 от 5 мая 2017 года).

Центр геномики и биоинформатики АН РУз, 2017 г.

I. ГЕНОМИКА, ПРОТЕОМИКА, БИОИНФОРМАТИКА

HELICOBACTER PYLORI 23S pРНК ГЕНИНИНГ 2142 ва 2143

УЧАСТКАЛАРИДАГИ МУТАЦИЯЛАРНИ АНИҚЛАШ

Абдурахимов А.А.¹, Турдикулова Ш.У.^{1,2}, Далимов Д.А.^{1,2}, Мирхайдарова М.Д.¹,
Мухамадова Д.Ш.^{1,3}.

ЎзР ФА Биоорганик кимё институти¹,
100125, Тошкент ш., Мирзо Улуғбек кўч., 83.
Юқори технологиялар илмий-амалий маркази²,
Ўз МУ Биология-тупроқшунослик факультети³.
Abror1978@mail.ru

Helicobacter pylori – спиралсимон, грамманфий бактерия бўлиб, гастрит, ошқозон ва ўн икки бармоқли ичак яраси, ошқозон шиллиқ қавати лимфомаси (MALT lymphoma) ва ошқозон саратонини келтириб чиқарувчи асосий факторлардан бири. *H.pylori* бактериясини даволашда Эрадикацион терапия (ЭТ) қўлланилади. ЭТда бир қанча антибиотиклар билан бирга кларитромицин антиотиғи хам қўлланилади ва айрим ҳолларда ЭТ самарадорлиғи пасаймоқда. Бу бактериянинг кларитромицинга чидамлилиғи билан изоҳланади. Беморга ЭТ схемасини ўзгартириб даволашни бошқатдан бошлашга мажбур бўлмоқда. Бактериянинг антибиотикларга чидамлилиғини аниқлаш муҳим аҳамиятга эга бўлиб ЭТ схемасини тўғри танлашга ёрдам беради. Антибиотикка чидамлилиғини аниқлашнинг асосан микробиологик ва ПЗР (Полимераза занжирий реакцияси) усуллари мавжуд. Микробиологик усулда *H.pylori* бактериясининг ўстиришнинг қийинлиғи ва кўп вақтни олиши (6 кун) ва ишончлилик даражасининг юқори эмаслиғи каби муаммолар мавжуддир. Real-Time PCR методи ёрдамида бактериянинг кларитромицинга чидамлилиғини аниқлаш 2-4 соатда ва ишончлилик даражасининг юқорилиғи билан ажралиб туради.

Кларитромицин антиотиғи макролидлар гуруҳига мансуб бўлиб, бактериянинг рибосомасидаги 23S pРНК билан бирикиб пептидилтрансферазани оқсил синтезини бошлашига тўсқинлик қилади. Бактерия хромосомасининг V доменида 23S pРНК кодловчи генини 2142 (A2142G, A2142C) ва 2143 (A2143C) участкаларида мутация рўй бериши натижасида бактерия кларитромицинга чидамли бўлиб қолади. Яъни кларитромицин бактериянинг 23S pРНКсига боғлана олмайди, натижада пептидилтрансфераза оқсил синтезланишида пептид боғларни ҳосил қилади. Бактерияга қарши антибиотик билан даволаш бесамар кетади ва ЭТ схемасига кларитромицин ўрнига бошқа антибиотик берилади. Ўзбекистонда бактериянинг кларитромицинга чидамлилиғини Real-Time PCR усули ёрдамида аниқлаш илк бор йўлга қўйилди.

50 та гастроэнтерологик беморларнинг ошқозон эпителиал тўқимаси ва ошқозон суюқлигидан “РИБО-преп” (Ампли Сенс) набори ёрдамида ДНК ажратиб олинди. *H.pylori* бактериясини борлиғини аниқлаш мақсадида *Helicobacter* учун специфик маркер *UreC* ва кларитромицинга чидамлиликни таъминловчи 23S pРНК генларининг 2142 ва 2143 участкаларидаги мутацияларини аниқлаш учун “чаён” (скарпион) праймерлар ва зондлар ёрдамида RT-PCR қўйилди.

50 та гастроэнтерологик беморлар ошқозонидан биологик намуналарнинг 47 тасида *H.pylori* бактерияси борлиғи аниқланди. Бактерия аниқланган 47 та намунага

бактериянинг кларитромицин антибиотигига чидамлилигини аниқлаш мақсадида бактериянинг 23S рРНК ни кодловчи генининг A2142G/C, A2143G мутацияларини аниқлаш учун Real-Time PCR амплификация реакцияси ўтказилди. Натижада, 47 та намунадан 10 таси кларитромицинга чидамлилиги аниқланди. Яъни 10 та биопсия намуналаридан олинган *H.pylori* бактерияси хромосомсининг V доменида 23S рРНК ни кодловчи генининг A2142G мутацияси (2142 участкада А (аденин) G (гуанин) ўрин алмашганлиги (SNP) аниқланди. 47 та намуна ичида 23S рРНК ни кодловчи генининг A2143G ва A2142C мутациялари аниқланмади.

Ушбу беморларга ЭТ схемасига кларитромицин ўрнига бошқа антибиотик берилишини диагностик панелига киритилди. Бу эса ЭТ даволаш схемасини самарали натижаларга олиб келди.

МОДИФИКАЦИЯ СТАНДАРТНОЙ МЕТОДИКИ ЦИТОГЕНЕТИЧЕСКОГО АНАЛИЗА У БОЛЬНЫХ ЛЕЙКОЗОМ

Алланазарова Б.Р., Ассесорова Ю.Ю., Мустафина Л.К., Юсупова С.А.

Министерство Здравоохранения Республики Узбекистан
Научно-Исследовательский Институт Гематологии и Переливания Крови.
Ташкент, Чиланзарский район, ул. Бунёдкор д. 42-а.
info.niigem@minzdrav.uz

Введение. Несмотря на внедрение молекулярных методов детекции генетических изменений, стандартное цитогенетическое исследование (СЦИ) широко используется в онкогематологии, поскольку позволяет выявить не только маркерные цитогенетические изменения, но и дополнительные аномалии хромосом. Результаты СЦИ во многом зависят от качества хромосомных препаратов. Однако, у больных с гемобластозами получение достаточного количества метафазных пластинок, отвечающих требованиям хромосомного анализа, связано с определенными трудностями.

В связи с этим, целью нашего исследования являлось повышение результативности хромосомного анализа у больных лейкозами на основе оптимизации стандартного цитогенетического метода.

Материалы и методы. Хромосомный анализ бластных клеток костного мозга больных лейкозами был выполнен оптимизированным стандартным цитогенетическим методом. Модификации включали: применение разработанной нами новой биологически активной добавки к питательной среде для культивирования клеток; расчет продолжительности культивирования на основе количества лейкоцитов; проведение префиксации, ацетатное воздействие на метафазы и температурную активацию трипсина. Пролиферативную активность культивируемых клеток периферической крови и костного мозга оценивали на основе митотического индекса (МИ, %). Кариотипирование проводили с использованием микроскопа ZEISS AXIO Scope.A1 (Германия). Идентификацию хромосом и хромосомных aberrаций осуществляли согласно общепринятым принципам международной номенклатуры ISCN 2009.

Основные результаты. Использование новой биологически активной добавки позволило на 47% увеличить количество метафазных пластинок, отвечающих требованиям хромосомного анализа: МИ бластных клеток при использовании

оптимизированной питательной среды составил $2,85 \pm 0,18\%$, в отличии от результата полученного при применении стандартных питательных сред – $1,5 \pm 0,17\%$ ($p < 0,05$). Оптимизация метода СЦИ позволила повысить результативность хромосомного анализа у больных гемобластозами. В 2014 году с применением стандартной методики хромосомный анализ удалось выполнить только у 50% больных острыми лейкозами (ОЛ). После введения указанных модификаций, в 2015 году хромосомный анализ был успешно выполнен уже у 71,4%, а в 2016 году – у 81,8% больных ОЛ. У пациентов с хроническими миелопролиферативными заболеваниями (ХМПЗ) цитогенетическое исследование методом СЦИ в 2014 году было проведено только у 55,4% пациентов, а в 2015 и 2016 гг. – у 81,8% и 91,6% больных соответственно. В ряде случаев результаты цитогенетического исследования позволили провести дифференциальную диагностику, когда постановка диагноза на основе данных клинико-лабораторного обследования больных была затруднительна. Так, из 155 пациентов с первично-поставленным диагнозом ХМПЗ Ph-хромосома была выявлена методом СЦИ только у 138 (89,0%) больных, а кариотип 11,0% больных оказался Ph-отрицательным. Таким образом, оптимизация СЦИ позволила повысить результативность хромосомного анализа и выявление маркерных цитогенетических изменений при ХМЛ с 54% до 89,0% ($p < 0,05$).

Заключение. Оптимизация методологических подходов к проведению хромосомного анализа методом СЦИ позволила повысить результативность цитогенетического исследования у больных различными формами гемобластозов. Это дало возможность с большей точностью детектировать маркерные и дополнительные цитогенетические нарушения, имеющие большое значение для диагностики и прогноза динамики развития лейкозов.

ИССЛЕДОВАНИЕ ЭКЗИН-АССОЦИИРОВАННЫХ БЕЛКОВ ПЫЛЬЦЕВЫХ ЗЁРЕН ПРЕДСТАВИТЕЛЕЙ РАЗНЫХ РОДОВ СЕМЕЙСТВА MALVACEAE

Аллабердиев Р.Х.¹, Камалова М.Д.²

- 1 Узбекский Государственный Национальный Университет,
- 2 Узбекский государственный университет мировых языков,
kamalova_manzura@mail.ru

Из литературных данных известно, что экзина, или внешняя оболочка пыльцевого зёрна, у большинства видов состоит из полимеров, включая целлюлозу, гемицеллюлозу, пектиновые компоненты и лигнин. Кроме полисахаридов здесь имеются прочносвязанные белки, которые в основном выполняют структурную функцию в клеточной стенке – это эктоэкзины, богатые гидроксипролином, арабиногалактановые белки, глицинсодержащие белки и цистеинсодержащие белки.

Точная функция каждого из этих белков ещё не известна и поэтому представляет большой интерес для многих исследователей.

В настоящей работе исследование экзиновых белков проводилось в два этапа:

1. Модификация метода выделения экзин-ассоциированных белков на основе существующего метода Ch.H. Chau et al. , разработанного для *Zea mays* L.
2. Выделение тотальных белков экзины пыльцевых зёрен и разделение на составляющие в ПААГ.

Хотя имеется большое количество работ по цитологии экзины пыльцевых зёрен, молекулярные и биохимические аспекты формирования пыльцевых стенок в процессе микроспорогенеза ещё недостаточно изучены. Для того, чтобы определить стадии и динамику образования экзин-ассоциированных белков в процессе микроспорогенеза, исследовали белки очищенной экзины пыльцевых зёрен, а затем проанализировали динамику изменения состава тотальных белков микроспор на разных стадиях микроспорогенеза.

В наших исследованиях все этапы проводились при 4°C. Пыльцевые зёрна разрушались в буфере, содержащем 0,1 М Tris-HCl pH (8,0). Мы не использовали прессинг, как в оригинальном методе Ch.H. Chau et al. , а также протеазу и PMSP. Разрушенные пыльцевые зёрна осаждали на центрифуге Beckman L-2-65 при 10000 об/мин. в течение 30 минут. Осадок промывали несколько раз в буфере 0,1 М Tris-HCl (pH 8,0) и затем наслаивали на градиент сахарозы (20-60%). Стенки пыльцевых зёрен собирались в 50% слое сахарозы.

После центрифугирования при 30000 об/мин. на центрифуге Beckman SW 41 в течение 30 минут осадок собирали, промывали и подвергали воздействию дезоксихолата Na и 0,1 М Tris-HCl, pH 8,0 в течение 2-х часов. После этого гомогенат с пыльцевыми стенками был помещён в раствор, содержащий 0,1 М Tris-HCl, pH 8,0 на всю ночь. Последняя фракция была получена путём промывания в 0,1 М Tris-HCl pH 8,0. Белки выделялись после кипячения образцов в буфере (0,625 М Tris, pH 6,8, 10% глицерол и 5% меркаптоэтанол, а также 2,3% SDS). Сбор экзины на градиенте сахарозы является очень важным этапом при её выделении, так как насыщенная фракция пыльцевых зёрен обычно содержит много органелл, гранул крахмала и мембранных структур.

Нужно отметить, что при получении экзины обнаружены компоненты интины. После центрифугирования 50% фракции на градиенте сахарозы получали фракцию экзины, всё же содержащую ассоциированные с ней компоненты. После помещения экзины в раствор дезоксихолата, никаких загрязнений в растворе уже не оставались.

Таким образом, выделенные нами экзин-ассоциированные белки из зрелой пыльцы представителей разных родов семейства Malvaceae могут быть использованы как белки-маркеры при изучении динамики их образования в процессе созревания пыльцы.

О ПОЛУЧЕНИИ СОРТОВ ХЛОПЧАТНИКА ПОРЛОК БЕЗ МАРКЕРНОГО ГЕНА *NPTII*

Абдираимова Х.М., Рузибаев Х.С., Ахмедов М., Мамаджанов А.,
Имамходжаева А.С.

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

Селективные маркеры широко используются для эффективной трансформации растений. В большинстве случаев для селекции применяются гены устойчивости к антибиотикам и гербицидам. Основной причиной их использования является отбор трансформированных растений во время получения трансгенных растений. Применение генов устойчивости к антибиотикам в трансгеномике

позволяет быстро и эффективно определить трансгенные клетки, ткани или растения. В настоящее время генно-инженерные сельхозкультуры выращиваются на площади около 180 млн. гектаров по всему миру и практически все они содержат гены устойчивости к антибиотикам. Тем не менее, в последние годы имеется тенденция по получению трансгенных растений, не содержащих в своем геноме гены устойчивости к антибиотикам.

Имеются различные подходы по созданию безмаркерных трансгенных растений, и в основном все они трудоемкие и дорогостоящие. Более простым методом является скрининг популяции созданных растений с помощью молекулярного анализа. В больших популяциях растений в результате расщепления могут появиться природные генотипы, не содержащие данный ген. С помощью ПЦР-анализа можно обнаружить их, и потом размножить их семена и получить генно-инженерные сорта без содержания этого гена.

В Центре геномики и биоинформатики АН РУз с помощью технологии РНК-интерференции разработаны высококачественные генно-инженерные сорта хлопчатника серии Порлок. Данные сорта несут в своем геноме векторную конструкцию pHellsgate-8::РНУА1, содержащую ген устойчивости к антибиотикам канамицину.

Целью данной работы было поиск среди популяций сортов Порлок генотипов, не содержащих ген устойчивости к канамицину (NPTII) и получение сортов, свободных от данного гена.

На полевом участке Центра среди сортов Порлок-1, Порлок-2, Порлок-3 и Порлок-4 проведен рандомизированный отбор генотипов с улучшенными агрономическими и хозяйственно-ценными показателями. По 100 образцов семян каждого сорта Порлок были высажены в условиях фитотрона в трех повторах. В качестве контроля были высажены семена не трансформированного хлопчатника Кокер-312. В период проростка растения были оценены на наличие фенотипа РНК-интерференции гена фитохрома А1 (РНУА1). С каждого индивидуального растения был проведен сбор листьев и выделена геномная ДНК с помощью СТАВ. Для анализа были отобраны вектор-специфические праймеры 35S-F/PDK-R, которые использованы для подтверждения наличия в геноме растений векторной конструкции pHellsgate-8::РНУА1, а также праймеры для амплификации гена NPTII. В настоящее время проводится молекулярный анализ.

СКРИНИНГ МУТАЦИЙ ГЕН *hRYR2* В КАЗАХСКОЙ ПОПУЛЯЦИИ

Абилова Ж.^{1,2}, Калиева А.², Бекбосынова М.³, Абдирова Б.³, Нуралинов О.³,
Нажат Д.³, Акильжанова А.¹

¹ National Laboratory Astana, Назарбаев Университет
010000, Казахстан, Астана, просп. Кабанбай батыра 53, zhannur.nurkina@nu.edu.kz

² Павлодарский Государственный Университет им.С. М. Торайгырова,
Павлодар, Казахстан

³ Национальный научный кардиохирургический центр, Астана, Казахстан

Желудочковые аритмии являются основной причиной заболеваемости и смертности во всем мире, ежегодно в Соединенных Штатах вызывая более 300 000 случаев внезапной смерти сердца (ВСС) и делает это серьезной проблемой общественного здравоохранения.

Семейный анамнез случаев внезапной смерти в молодом возрасте. S. Priori и его коллеги считают мутацию в гене рианодиновых рецепторов сердца человека (*hRYR2*), расположенном на хромосоме 1q42-q43. Рианодиновые рецепторы *hRYR2* — ключевой белок, регулирующий высвобождение Ca^{2+} из саркоплазматического ретикулума и сопряжение процессов возбуждения и сокращения в кардиомиоцитах. Тот факт, что только у 4 из 12 пробандов был найден измененный ген, позволил авторам предположить генетическую гетерогенность заболевания. Заболевание передается по аутосомно-доминантному принципу наследования.

В исследование включены больные аритмиями – желудочковой тахикардией. Диагноз верифицировался в Национальном научном кардиохирургическом центре г.Астана. Генотипирование проводилось в Лаборатории геномной и персонализированной медицины ЧУ «National Laboratory Astana» г.Астана. ДНК было выделено из венозной крови с использованием Wizard® Genomic DNA Purification kit в соответствии с протоколами производителя с некоторой модификацией. Дизайн праймеров проводился с помощью программы Vector NTI Advance™ 9.0 и программы Primer 3. Секвенирование ДНК проводили на приборе 3730XL согласно протоколу производителя. Анализ полученных нуклеотидных последовательностей проводился с использованием пакета программ Applied Biosystems, FinchTV v1.3.1. и с использованием международных баз нуклеотидных последовательностей (Blast, ENSEMBL, Gene Bank и др.). Анализ нуклеотидных последовательностей гена проводили с помощью различных пакетов компьютерных программ, таких как SeqScape 2.5, BLAST, BioEdit. С этой целью отбирают необходимые файлы с последовательностями и проводили выравнивание ДНК с последующим выявлением гомологичных участков. Статистический анализ полученных результатов проводился с использованием программы SPSS 19.0 (JAPAN) и Microsoft Excel 2007.

Проведен скрининг генетических вариантов гена *hRYR2* у двух пациентов с CPVT и 14 пациентов с желудочковой тахикардией (VT). Общее количество больных с ЖТ, которым проводился скрининг мутаций в гене *hRYR2* составило 35 человек. При обнаружении мутаций, генетический анализ был проведен и для родственников пациента, у которого выявлены были мутации. Целевые области гена *hRYR2*, в том числе наиболее важные 45 экзонов, амплифицировали с помощью ПЦР и непосредственно секвенировали.

Выявлены новые мутации у пациента CPVT # 239 (с.А13892Т; р.Д4631V) и новая мутация у одного пациента с VT # 271 (с.Г5428С; р.V1810L). Оба варианта находятся в филогенетически консервативных регионах гена hRZR2 и являются патологическими. Также были выявлены три известных синонимичных полиморфизма rs3765097, rs2253273 и TMPESP1 237 664 067 в исследуемой группе. Также была у # 444 обнаружена мутация (с.С7511Т; р.Т2504М), ранее выявленная у больного с ARVD. Данный вариант находится в филогенетически консервативном регионе гена hRZR2 и является патологическим (балл по MutationTasterD (0.99) и по PolyPhenIID (0.99)).

Данное исследование будет полезно в оценке необходимости генетического скрининга и надежной генетической консультации для пациентов с желудочковыми нарушениями ритма в Казахстане для прогнозирования и профилактики внезапной сердечной смерти.

НАРУШЕНИЕ ЭПИГЕНЕТИЧЕСКОЙ РЕГУЛЯЦИИ ГЕНОВ ПРИ КЛЕТОЧНОМ СТАРЕНИИ И НОВЫЙ ПОДХОД К ИЗУЧЕНИЮ.

Абдугафурова Д.Г., Кадырова Д.А.

Институт Биоорганической химии имени А.С.Садыкова,
Ташкент, пр. М.Улугбека, 83.
dage2017@inbox.ru

Метилирование ДНК является одним из главных эпигенетических механизмов, который регулирует экспрессию генов и структуру хроматина. Метилирование ДНК осуществляется ДНК-метилтрансферазами (DNMT). DNMT1 является ферментом, участвующим в поддержании паттерна метилирования ДНК во время репликации (Robertson KD., 2001). Изменение метилирования ДНК играет одну из ключевых ролей при клеточном старении. В клетках взрослого организма паттерн метилирования сохраняется практически постоянным, но может значительно изменяться с возрастом. Существование ряда методов сделали возможным раскрытие молекулярных механизмов старения, продолжительности жизни и связанных с возрастом заболеваний. Метилирование является одной из модификаций ДНК, приводящих к изменению ее только в тех сайтах вновь синтезированной ДНК, где в исходной цепи уже содержались CpG динуклеотиды с метилированным остатком цитозина. Как известно, клеточное старение – генетическая программа необратимой остановки клеточного цикла, блокирующая реакцию клетки на пролиферативные стимулы при наличии нерепарируемых повреждений ДНК. В процессе эволюции клеточное старение возникло для того, чтобы не дать переродиться генетически поврежденной клетке в опухолевую. Определяющую роль в этом процессе играет ген-супрессор опухолей ген p53. Его продукт экспрессируется повсеместно во всех типах клеток в виде неактивного транскрипционного фактора и активируется только тогда, когда клетка подвергается различным стрессам, таким как, повреждение ДНК и активация онкогенов. Несмотря на то, что в стареющих клетках уровень белка p53 или его мРНК не увеличивается, возрастает степень его фосфорилирования и, следовательно, ДНК-связывающая активность. В результате уровень основной мишени p53, белка p16 в стареющих клетках значительно повышен. При отсутствии сильных стрессов p53

работает в нормальном режиме, помогая клеткам находить оптимальный баланс процессов метаболизма и репарации, а также процессов антиоксидантной защиты. Поэтому, повседневная функция p53 может быть направлена в сторону замедления процессов старения (Hollooszy, J.O., Fontana, L., 2007). Была изучена функциональная активность генов p53 и p16. Синтез кДНК для генов p53 и p16 проводили методом полимеразной цепной реакции (ПЦР). Для синтеза кДНК для генов p53 и p16 использовали как ДНК-полимеразу I, так и РНК-зависимую ДНК-полимеразу (ревертазу). Оценка активности генов p53 и p16 была проведена методом анализа метилирования промоторной области данных генов с использованием метилчувствительных рестриктаз HhaI (GCGC) и Hpa II (CCGG), и последующей полимеразной цепной реакции. Метод, примененный нами для оценки статуса метилирования, основан на способности метилчувствительных рестриктаз расщеплять неметилированную молекулу ДНК и оставлять негидролизованными участки, содержащие метилцитозин. В качестве матрицы для полимеразной цепной реакции была использована ДНК, выделенная из лейкоцитов крови пожилых людей-добровольцев, предварительно обработанная метилчувствительными рестриктазами HhaI (GCGC) либо HpaII (CCGG). Показано, что при старении не происходит метилирования промоторной области генов p53 и p16, продукт ПЦР не был виден в геле. Таким образом, одним из факторов, оказывающих воздействие на экспрессию гена, является [метилирование ДНК](#). Выявлено понижение активности метилтрансферазы в процессе клеточного старения, что указывает на возрастное гипометилирование молекулы ДНК и является одним из биомаркеров старения. Эти эпигенетические модификации могут быть использованы для определения возраста доноров в судебно-медицинской экспертизе или оценки биологического возраста.

ГЕНОМНАЯ НЕСТАБИЛЬНОСТЬ, КАК ПРИЧИНА КЛЕТОЧНОГО СТАРЕНИЯ

Абдугафурова Д.Г., Якубова Р.А.

Институт Биоорганической химии имени А.С.Садыкова,
г. Ташкент, пр. М.Улугбека, 83.
dage2017@inbox.ru

Накопление клеточного повреждения и разрушений ДНК в качестве общей причины старения, играют ключевую роль в иницировании процесса старения. Снижение эффективности механизмов репарации ДНК вызывает цикл обратной связи, который обеспечивает процесс старения. Кроме того, решающую роль в поддержании устойчивости генома с предотвращением процесса старения путем активации различных механизмов восстановления ДНК играют прогероидные синдромы. Вместе с тем, многочисленные болезни преждевременного старения, такие как Синдром Вернера и синдром Блума, являются следствием увеличения накопления повреждений ДНК (Burtner, Kennedy, 2010). Существует связь между увеличением геномного повреждения в течение жизни и старения. Исследования, проведенные на мышах и людях, показали, что недостатки в механизмах восстановления ДНК вызывают ускоренное старение у мышей и лежат в основе нескольких человеческих прогероидных синдромах (Gregg., 2012; Hoesijmakers, 2009; Мурга., 2009). Прогероидные синдромы дают возможность понять важные

молекулярные механизмы, лежащие в основе человеческого старения, они представляют собой полезный инструмент для познания неизвестных аспектов процесса старения. К тому же, хотя они непригодны для полного представления моделей *in vivo*, одиночные генные нокауты помогут определить значение отдельных генов, связанных со старением, например, генов, принадлежащих к семейству p53. Генетические поражения, возникающие из-за внешних или внутренних повреждений при клеточном старении весьма разнообразны, они включают точечные мутации, транслокации, хромосомные потери и укорочение теломер. Ранее нами был проведен цитогенетический анализ клеток лимфоцитов периферической крови пожилых людей, при котором были обнаружены хроматидные разрывы, делеции и единичные ассиметричные транслокации (Кадырова Д.А. и др., 2011). Для того чтобы снизить количество этих повреждений в организме развивалась сложная сеть механизмов репарации ДНК, которые в комплексе способны справляться с большей частью ущерба, причиненного ядерной ДНК (Lord, Ashworth, 2012). Соматические мутации накапливаются в клетках пожилых людей и модельных организмов (Москалев и др., 2012). Также были обнаружены другие формы повреждения ДНК, такие как хромосомные анеуплоидии (Faggioli., 2012; Forsberg., 2012), увеличение клонального мозаицизма при больших хромосомных аномалиях (Jacobs, 2012; Laurie, 2012). Все эти формы изменения ДНК могут повлиять на основные гены и транскрипционные пути, в результате чего дисфункциональные клетки, которые, если их не устранить апоптозом или старением, могут подвергнуть риску ткани и органический гомеостаз. Генотоксические стрессы, такие как ультрафиолетовое облучение, а также, облучение загрязнителей окружающей среды в качестве мощного драйвера старения наносят ущерб клеточным ДНК. Нами было проведено сравнение клеток костного мозга 2-х, 24- и более месячных мышей. У 2-х месячных мышей не были обнаружены aberrации хромосом или потери гетерозиготности в хромосомах, но цитогенетический анализ образцов, взятых у старых мышей выявил наличие делеций в нескольких хромосомах. Разработка методов оценки генетической нестабильности в клетках стареющего организма, позволит детально понять суть механизмов, лежащих в основе клеточного старения, и могут способствовать проведению будущих мероприятий по улучшению здоровья человека и качества жизни пожилых людей.

АНАЛИЗ РОЛИ ПОЛИМОРФНОГО ВАРИАНТА rs2740574 ГЕНА СУР3А4 В РАЗВИТИИ ХРОНИЧЕСКОГО МИЕЛОИДНОГО ЛЕЙКОЗА

Абдурахманова Н.Н, Султонова Ш.Х., Эргашева Ш.К., Яриев А.А.

Министерство Здравоохранения Республики Узбекистан

НИИ Гематологии и Переливания Крови,

г. Ташкент, Чиланзарский район, ул. Бунёдкор д. 42-а.

info.niigem@minzdrav.uz

Хронический миелолейкоз (ХМЛ) – наиболее частое миелопролиферативное заболевание, характеризующееся реципрокной транслокацией t(9;22), (q34;q11), приводящей к образованию химерного онкогена BCR-ABL на 22q-хромосоме

(Ph+филадельфийская хромосома). Именно химерный онкоген BCR-ABL (белок p210) играет ключевую роль в развитии ХМЛ.

К настоящему времени установлено прогностическое значение определенных генотипических вариантов генов некоторых изоформ гена цитохрома P-450 в формировании гемобластозов. К ним относится и ген изоформы цитохрома CYP3A4. Однако роль неблагоприятных генотипических вариантов этого гена в онкогенезе у Ph -положительных больных (BCR-ABLp210) с ХМЛ изучена недостаточно.

Цель: Оценка роли полиморфизма rs2740574 гена CYP3A4 в возникновении химерного онкогена BCR/ABL p210 и развитии ХМЛ.

Материалы и методы. Всего исследовано 146 больных ХМЛ с наличием химерного онкогена BCR/ABL p210, наблюдавшихся на базе клиники НИИГиПК МЗ РУз. Контрольная группа была сформирована из 217 лиц узбекской национальности, без каких либо онкологических заболеваний. Диагноз ХМЛ верифицирован в соответствии с Международной номенклатурой ISCN. Изучение экспрессии химерного онкогена BCR/ABL p210 проводили на термоциклере Rotor-Gene 6000 («Corbett Research», Австралия). Детекция полиморфизма rs2740574 проводилась на термоциклере фирмы «Applied Biosystems» 2720 (США). Статистический анализ результатов проведен с использованием пакета статистических программ «OpenEpi 2009».

Результаты и их обсуждение. Частоты аллелей А и G составили: 83.6% и 16.4% у больных ХМЛ, и 96.8% и 3.2%, в группе контроля соответственно. В группе больных отмечалось статистически значимое повышение носительства неблагоприятного аллеля G и достоверное снижение дикого аллеля А по сравнению с популяционной выборкой ($\chi^2=39.0$; $P<0.05$; OR=5.9; 95% CI 3.188-10.93). Частоты распределения генотипов А/А, А/G и G/G составили: 69.2%, 28.8% и 2.0% – у больных ХМЛ, и 93.5%, 6.4% и 0.0% – в группе контроля соответственно. Как и ожидалось, в популяционной выборке дикий генотип А/А встречался с высокой частотой, по сравнению группой больных (86.6% против 76.7%, соответственно). При этом, различия достигли уровня пороговой значимости ($\chi^2=38.1$; $P<0.05$; OR=0.1; 95% CI 0.08117-0.2952), что свидетельствует о благоприятном протективном эффекте данного генотипа в отношении развития ХМЛ. Обнаружена достоверная ассоциация гетерозиготного генотипа А/G у больных ХМЛ, по сравнению с группой контроля. Согласно рассчитанному коэффициенту соотношения шансов, риск развития мутантного опухолевого клона у носителей генотипа А/G был достоверно, в 5.9 раза выше, чем у носителей других генотипов (28.8% против 6.4%, соответственно; $\chi^2=33.3$; $P<0.05$; OR=5.9; 95% CI 3.059, 11.21). Гомозиготный генотип G/G в группе больных встречался значительно чаще, по сравнению с контрольной группой (2.0% против 0.0%, соответственно, $\chi^2=4.5$; $P=0.03$). Сравнительный анализ сочетаний неблагоприятных генотипов А/G и G/G в исследованных выборках больных и контроля также констатировал статистически значимые различия ($\chi^2=38.1$; $P<0.05$; OR=6.5; 95% CI 3.38-12.3).

Вывод. Таким образом, аллель G и генотипы с наличием данного аллеля полиморфизма rs2740574 гена CYP3A4 являются самостоятельными значимыми маркерами повышенного риска возникновения химерного онкогена BCR/ABL p210 и развития ХМЛ в Узбекистане.

ОПТИМИЗАЦИЯ МЕТОДА ВЫДЕЛЕНИЯ ДНК ИЗ ЗЕРНА МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ *T. AESTIVUM*.

Адилова Ш.Ш., Шавкиев Ж.Ш.

Институт Генетики и Экспериментальной биологии растений АН РУз
111226, Ташкентская область, Кибрайский район, пос. Юкори-юз
shokhi.adilova@mail.ru

Выделение геномной ДНК из семян пшеницы, нежели из листьев позволяет проводить экспериментальные анализы независимо от сезона произрастания. Можно обойтись без теплицы которая необходима для выращивания растений, кроме того семена легко транспортировать в международном уровне тогда как листья должны храниться на льду или леофилизированном виде. Главное преимущество этого метода в том, что опыты в этом направлении можно проводить в не полевом сезоне. Объектом исследования служили семена мягкой яровой пшеницы. В ходе исследований геномная ДНК была выделена модифицированным методом СТАБ. Для выделения геномной ДНК пшеницы зерно было гомогенизировано в ступке, с добавлением жидкого азота. К гомогенату добавляли 600 мкл подогретого 65⁰С 2хСТАБ буфера (100mM Трис. рН-8.0, 20mM ЭДТА рН-8.0, 1.4М NaCl, 2% СТАБ) и инкубировали при 65⁰С 30 минут на водяной бане, перемешивая каждые 5 мин. После инкубации добавляли равный объем смеси хлороформ: изоамиловый спирт (24:1) при этом тщательно перемешивали 4 минуты. Центрифугировали 8 минут при 9 000 об.мин. и осторожно отбирали 500 мкл супернатанта в новую пробирку. Добавляли 250 мкл изопропанолового спирта (-20⁰С) и перемешивали 2 минуты. Затем оставили на 1 ч. или на ночь на -20⁰С. ДНК осаждали, центрифугировали 20 минут (10 000 об.мин.), затем осторожно сливали водную фазу. К осадку добавляли 300 мкл высоко солевой буфер ТЕ (10mM Tris рН-8.0, 0.1mM EDTA рН-8.0 1M NaCl), тщательно перемешивали и инкубировали 30 минут при комнатной температуре. Осажденную ДНК дважды сушили 70-% этанолом в объеме 600 мкл и центрифугировали 2 минуты (10000 об./мин.). Осадок сушили при комнатной температуре +30 °С в течении 30 минут до полного испарения спирта. Высушенную ДНК растворяли в 100 мкл ТЕ буфере (10mM Tris рН 8.0, 1 mM EDTA рН 8.0). Визуализацию и определение концентрации ДНК проводили при помощи электрофореза в 1%-ном агарозном геле. По итогам проведенной работы можно сделать вывод, что выделения ДНК из зерна пшеницы имеет определённое преимущество, в том плане, что данный метод экономит время, и доступен в финансовом отношении.

ПОДГОТОВКА НОВОЙ HALOPLEX КАРДИОГЕНЕТИЧЕСКОЙ ПАНЕЛИ ДЛЯ ТАРГЕТНОГО СЕКВЕНИРОВАНИЯ АРИТМИЙ

Ахметова А.Ж¹., Абилова Ж.М¹., Бекбосынова М.С²., Panzitt К³., Trajanoski S³.,
Guelly С³., Акильжанова А.Р¹.

Центр наук о жизни, National Laboratory Astana, Назарбаев университет,
010000, Казахстан Астана, просп. Кабанбай батыра 53,

ainur.akhmetova2@nu.edu.kz 1

Национальный научный кардиохирургический центр,

010000, Казахстан Астана, просп. Туран 38, mcardio_s@mail.ru 2

Center for Medical Research, Medical University of Graz,

8010, Австрия Грац, Stiftingtalstraße 24, christian.guelly@medunigraz.at 3

Секвенирование нового поколения (NGS) позволяет лабораториям эффективно и быстро определить генетические изменения в целевых генах, связанных с конкретными заболеваниями. В данное время Agilent предлагает две HaloPlex кардиогенетической панели уже с предварительно отобранным содержанием – панель HaloPlex Кардиомиопатия (HaloPlex Cardiomyopathy) (34 гена) и HaloPlex Аритмия (HaloPlex Arrhythmia) (21 ген). Однако, данные кардиогенетические панели не учитывают все гены, которые могут привести к аритмиям. Целью работы является подготовка новой HaloPlex кардиогенетической панели секвенирования из 96 генов на основе изучения генов-кандидатов с использованием технологии HaloPlex (Agilent Technologies) для дифференциальной диагностики сердечных аритмий.

Для подготовки HaloPlex кардиогенетической панели для целевого секвенирования 96 генов, ассоциированных с сердечными аритмиями была использована онлайн программа SureDesign Online Design software (Agilent Technologies). С помощью набора HaloPlex Custom Panel Tier 1 kit, Agilent Technologies (ILMFST, р/n G9901C) были подготовлены библиотеки генов-кандидатов для 90 пациентов с сердечными аритмиями согласно протоколу производителя «HaloPlex Target Enrichment System for Illumina Sequencing», version D.3. December 2012. Протокол оптимизирован для усвоения 225 нг геномной ДНК. В качестве контроля использовали обогащенную контрольную ДНК (Enrichment Control DNA), которая поставляется вместе с набором. Количество и качество всех 90 ДНК образцов было оценено с помощью флуориметра Qubit 2.0 и 2% агарозного геля. Для подготовки финального дизайна использовали Human Genome version 19, GRCh 37, February 2009 для платформы Illumina.

Была разработана новая HaloPlex кардиогенетическая панель для целевого секвенирования 96 генов ассоциированных с аритмиями с использованием онлайн программы SureDesign Online Design software (Agilent Technologies). Разработанная панель была скачена и все таргеты были проверены с помощью UCSC Genome Browser. Размер целевого региона составил 463.767 kbp, длина ридов - 150 bp. Для покрытия всех целевых регионов программой было создано 19958 ампликонов. В результате, 99.46% всех целевых регионов были покрыты удачно. Для подготовки библиотек генов-кандидатов, сначала ДНК образцы были поделены на фрагменты 16 различными рестрикционными ферментами при 370С в течении 30 минут. Библиотека зондов была гибридизирована к обоим концам целевых фрагментов для создания кольцевых ДНК молекул. 90 образцов геномной ДНК были

индексированы различными индексами, кольцевые молекулы ДНК были соединены вместе в реакции лигации. Таргетные фрагменты были ПЦР-амплифицированы при температуре отжига 600С, количество циклов – 20. Затем обогащенные и индексированные образцы были отправлены на секвенирование на платформе Illumina HiSeq2000.

Была подготовлена новая HaloPlex кардиогенетическая панель для таргетного секвенирования 96 генов ассоциированных с сердечными аритмиями. С помощью данной кардиогенетической панели подготовлено 90 ДНК-библиотек. Подготовленные библиотеки были секвенированы на секвенаторе нового поколения HiSeq2000 (Illumina). В настоящее время проводится биоинформатический анализ полученных данных секвенирования.

КОРРЕЛЯЦИОННЫЙ АНАЛИЗ КАЧЕСТВА ВОЛОКНА У НЕКОТОРЫХ МАС-ЛИНИЙ ХЛОПЧАТНИКА

Азимов А.А., Кушанов Ф.Н.

Центр геномики и биоинформатики АН РУз
111215, Ташкентская обл., Кибрайский район, ул. Университетская, д. 2
azimov_a_a@mail.ru

Исследование зависимостей и взаимосвязей между объективно существующими явлениями и процессами играет в науке, особенно в биологии и современной генетике, большую роль. Для исследования интенсивности, вида и формы причинных влияний применяется корреляционный анализ.

При реализации программной процедуры корреляционного анализа объектами исследования являлись выборки, образованные из гибридных комбинаций пятого BC5F2 поколения беккросс скрещивания хлопчатника-реципиента (АН Баявут-2) с соответствующей донорной линией (L-N1) и полученный в результате как новый сорт – АН Баявут-2 x L-N1 (1-комбинация) по МАС (Маркер ассоциированная селекция) технологии.

Выборки с соответствующими названиями – 1-комбинация, АН Баявут-2 и L-N1 расположены в файлах. Каждая выборка состоит из количественных данных, соответствующих значениям основных хозяйственно-ценных показателей качества сорта: Mic – микронейр, Str – удельная разрывная нагрузка, Len – верхняя средняя длина волокна, Unf - индекс равномерности по длине, Elg – удлинение при разрыве, Rd – коэффициент отражения света, +b – коэффициент желтизны.

После обработки каждого из этих файлов с помощью программной процедуры расчета корреляционной матрицы программного пакета SPSS 21, получены для 1-комбинации, реципиента и донора корреляционная таблица, содержащая парные коэффициенты корреляций между основными хозяйственно-ценными показателями и их степенью достоверности.

Анализ результатов показал, что в 1- комбинации Str, Len и Unf более активно коррелируют с другими показателями. Str коррелирует с Len в выше средней степени ($r=0,6$), с Unf в высокой степени ($r=0,8$), а с Elg - в средней степени ($r=0,35$). Len кроме Str, в средней степени коррелирует только с Unf и Elg ($r=0,6$; $r=0,4$), а с другими – очень слабо. Unf кроме Str и Len, в средней степени коррелирует с Elg и Rd ($r=0,32$; $r=-0,34$). +b коррелирует в средней степени с Mic и Rd ($r=0,39$; $r=0,34$).

В линии реципиента АН Баявут-2 микронейр *Mic* имеет обратную корреляционную связь в средней степени с показателями *Len*, *Unf* и *+b* ($r=-0,51$; $r=-0,51$; $r=-0,31$), а с *Elg* – прямую корреляцию ($r=0,31$). Прочность волокна *Str* в этой линии обратно коррелирует только с *Len* ($r=-0,31$), а с другими показателями не имеет корреляционной связи. *Len*, кроме *Mic* и *Str*, имеет прямую корреляцию с *Unf* и *+b* ($r=0,42$; $r=0,36$). В данной линии *Unf*, кроме *Mic* и *Len*, ни с чем не коррелирует. *Elg* помимо *Mic*, обратно коррелирует и с коэффициентом желтизны *+b* ($r=-0,50$). Коэффициент отражения света *Rd* обратно коррелирует только с *+b* ($r=-0,40$), а с остальными показателями нет корреляционной связи. Связь коэффициента желтизны *+b* с четырьмя показателями уже показано выше.

В донорной линии L-N1 микронейр *Mic* в средней степени коррелирует: обратно с тремя показателями- *Str* ($r=-0,36$), *Len* ($r=-0,50$) и *Rd* ($r=-0,45$) и прямо - с двумя-*Elg* ($r=0,58$) и *+b* ($r=0,46$). В этой линии прочность волокна *Str*, кроме *Mic*, имеет прямую корреляционную связь с *Unf* ($r=0,37$) и обратную с *Elg* ($r=-0,48$). Верхняя средняя длина *Len*, помимо *Mic*, обратно коррелирует еще и с *Elg* ($r=-0,45$) и *+b* ($r=-0,51$). Индекс равномерности по длине *Unf* в данной линии, как выше указано, коррелирует только с *Str*. Показатель удлинения при разрыве *Elg*, кроме трех вышеуказанных показателей, коррелирует и с *Rd* ($r=-0,31$) обратно и с *+b* ($r=0,47$) прямо. Корреляционные связи *Rd* и *+b* с другими показателями указаны выше.

Таким образом, результаты, полученные с применением корреляционного анализа, способствовали извлечению из матрицы исходных данных по двум линиям хлопчатника и их гибрида, обширной полезной информации, имеющей как научную, так и практическую ценность при планировании и редактировании генома хлопчатника для создания линий и сортов хлопчатника с высокой продуктивностью и улучшенными качествами волокна.

**КАВШ ҚАЙТАРУВЧИ ҲАЙВОНЛАР ЭНДОПАРАЗИТИ
МАРШАЛЛАГИА НЕМАТОДАЛАРИНИНГ ПОЛИМЕРАЗА ЗАНЖИРЛИ
РЕКЦИЯ ЁРДАМИДА АНИҚЛАШ (ПЦР-ДИАГНОСТИКА)**

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

ЎзР ФА Ботаника ва зоология институти,
100053, Боғишамол кўчаси 232, Тошкент, Ўзбекистон,
amirovoybek@rambler.ru

Нематодаларнинг *Trichostrongylidae* Leiper, 1908 оиласига мансуб *Marshallagia* авлоди турлари кавш қайтарувчи ҳайвонларнинг овқат ҳазм қилиш тизими, асосан ширдон ва ингичка ичагида паразитлик қилади. Улар Ўзбекистонда кўй, эчки, қорамол ва бошқа ёввойи ҳайвонларда кенг тарқалган бўлиб, айрим вакиллари морфологик тузилиши билан бири-бирига ўхшаш бўлса, айримлари бири-биридан кескин фарқ қилади. Бу каби ҳолатлар ҳайвонларни паразит нематодаларига аниқлаш ва уларга қарши курашиш ишларида қийинчилик туғдиради.

Ҳайвонларни тирикчилиги вақтидаги гельминтоз касалликларини диагностика қилиш замонавий усуллари билан бири ҳисобланади. Бу усул лаборатория ва дала шароитида ҳайвон фекалийсидан олинган нематода тухуми ёки личинкасидан

нуклеин кислоталарни (ДНК) ажратиш ва полимераза занжирли реакция (ПЦР) орқали нематода турларини идентификация қилишга асослан.

Юқоридаги фикрлардан ҳолда, тадқиқотмиз мақсади нематодалар личинкалари ва вояга етган вакиллари тўқимасидан геном ДНКси ажратиш ва ПЦР ёрдамида янги праймерларни синаб кўришдан иборат.

Ишда геном ДНК ажратишда тайёр коммерсиали реагент-тўпламларидан протоколи (Dneasy Tissue Kit, Qiagen, Hilden, Germany) ва геном ДНКси ажратиш бўйича яратилган қўлланмадан фойдаланилди (Кучбоев ва бошқ., 2015). Ажратилган геном ДНКсини амплификатор (Touchgene Gradient, UK) ёрдамида, “Евроген” фирмаси реактивлари (ddH₂O, 10xEncyclo буфер, 50x ДНТП, 50x Encyclo Taq) ва турга хос бўлган праймер билан мастер-мих тайёрланди. Қуйидаги циклли режим (1 – босқич – 5 мин давомида ДНК нинг 94°C шароитда денатурация, 2 – босқич – ДНКнинг 95°C шароитда 1 мин давомида денатурация, 3 – босқич – ДНКда 49°C шароитда 45 сек давомида праймерлар юмшатилиши, 4 – босқич – 72°C шароитда 1 мин 45 сек давомида элонгациял, 5 – босқич – 72°C шароитда 5 мин давомида занжирнинг элонгацияси, 2-4 босқичгача жараён цикл кўринишида 35 мартагача такрорланган) асосида амплификация қилинди. Олинган ПЦР намуналар 1,5 % агароза гелида гель-электрофорез усули билан текширилди.

Тадқиқот ишимиз натижасида кўра маршаллагия, гемонх ва телодорсагия авлодига мансуб бўлган нематода турларининг ўзимизнинг ва Генбанк (NCBI) сиквенс маълумотлари митохондриял генлари асосида “Primer designing tool – NCBI” дастури ёрдамида цитохромоксидаза 3’-охири гени бўйича янги праймерлар яратилди ва улардан қуйидаги тўғри праймер - COI20F (5`-GRGGTATTAATTTTATGTGTAC-3`) ва тескари праймер COI20R (5`-ACYATTGAACCATAAGAAGAC-3`) танлаб олинди.

Тадқиқот натижасида электрофорезнинг 1-5 йўлагиди ҳосил қилган ДНК фрагментлари фақат маршаллагия нематодаларига тегишли бўлди. Қолган нематода турларида (6-10) ва назоратда (сув) ДНК йўлагиди ҳосил қилмади. Демак, ишимизда “ПЦР-диагностика” тизими орқали ҳайвонлар тириклиги даврида паразит маршаллагия нематодаси турларини 99% тўғри идентификация қилиш имконини берди ва турларни аниқлаш учун бор йўғи 3-4 соат вақт сарфланди. Ҳозирги вақтда ЎЗР ФА Ботаника ва Зоология институти Молекуляр биология ва биотехнология лабораторияси илмий ходимлари томонидан ҳайвонларда кенг тарқалган нематодаларнинг тухуми ёки личинкаси орқали аниқланиши қийин бўлган *Ostertagia*, *Teladorsagia*, *Haemonchus*, *Metastrongylus*, *Protostrongylus* каби авлодлар турларига хос бўлган специфик праймерлар яратилган ва бу борадаги илмий тадқиқот ишлари давом этмоқда. Ушбу иш ДИТД доирасидаги ФА-А8-Т004 амалий лойиҳаси асосида бажарилди.

КОМПЬЮТЕРНЫЙ АНАЛИЗ СТРУКТУРЫ ФРН

Артыкбаева Г.М., Мамаджанов А., Ялалова И.Р., Салихов Р.С.

Институт Биоорганической химии им.акад. О.С.Садыкова АН РУз

100125 Ташкент, ул.М.Улугбека,83

gulnoraar@rambler.ru

Для исследования структур аминокислотных последовательностей белков нами были использованы разработанные компьютерные программы и банк аминокислотных последовательностей белков. Нами был проведен поиск общих, консервативных (повторяющихся) для всех ФРН фрагментов в аминокислотной последовательности. Благодаря возможностям компьютерных методов, среди установленных общих фрагментов выявились такие, которые встречались только в молекулах ФРН и отсутствовали в последовательностях всех остальных известных на настоящее время белков.

Именно такие, общие и специфичные для ФРН участки в аминокислотной последовательности, так называемые уникальные, интересны тем, что с ними связаны специфические функции для ФРН и перспектива создания специфического диагностикума для ФРН.

На основе составленной базы был проведен компьютерный анализ общих фрагментов в первичной структуре ФРН. При помощи программы «Protein Adviser» было установлено, что в сравниваемых 8 первичных структурах ФРН имеются следующие консервативные участки: SS, HP, GE, SVCDS, WV, KTTATDIKG, VN, QYFFETKC, KQ, TK, PV, SGCRGID, HWNSYCT, TF, KALT, QA, WRFIRI, TACVCV, AW, FI, DT. Совокупная длина консервативных участков составляет 78 аминокислотных остатков или 65% от приведенной длины в 120 аминокислот. Из этих 21 пептидов 5 (PV, AW, KQ, SS, DT) не укладываются в линейный консенсус, т.е. в исходных структурах находятся в удаленных позициях.

Каждый из консервативных фрагментов длиной 3 и более аминокислотных остатков задавался в качестве образца для поиска. В результате установлено, что только в 4 – KTTATDIKG, SGCRGID, HWNSYCT, TACVCV – являются уникальными для семейства ФРН, т.е. данные сочетания аминокислот встречаются только в первичных структурах ФРН. Т.о., на основе обработки информации об аминокислотных последовательностях можно предложить вариант математического метода классификации белков, в котором наличие уникальных для определенного класса белков пептидных фрагментов служит основой идентификационного признака.

ИНГИБИРОВАНИЕ ТИРОЗИНКИНАЗНОГО РЕЦЕПТОРА MET КУМАРИНОМ И КАМФЕРОЛОМ

Артыкбаева Г.М., Ялалова И.Р., Хашимова З.С., Мамадрахимов А.А.,
Мамаджанов А.

Институт биоорганической химии им. Акад.Садыкова АН РУз
100125 Узбекистан, Ташкент, ул.Мирзо Улугбека,83
gulnoraar@rambler.ru

В настоящее время широко изучаются нетоксичные вещества растительного происхождения, проявляющие ингибирующий эффект на рост раковых клеток. Это так называемые низкомолекулярные вещества – ингибиторы тирозинкиназных рецепторов. Они представляются как альтернатива цитостатикам как нетоксичные и селективные агенты.

Целью настоящей работы является выяснение механизмов противоопухолевого действия некоторых веществ, выделенных из растений, на клеточной культуре рака тонкого кишечника мыши Acaton.

Ингибиторы тирозинкиназы, конкурирующие с АТФ за АТФ-связывающий внутриклеточный домен тирозинкиназных рецепторов факторов роста, предотвращают фосфорилирование тирозиновых остатков внутриклеточных белков и тем самым блокируют дальнейшую передачу сигнала к ядру клетки.

Мы протестировали низкомолекулярные вещества, выделенные в Институте Биоорганической химии АН РУз, - кумарин и камферол. Вещества были идентифицированы ВЭЖХ-масс-спектрометрией, используя масс-спектрометр (6420 TripleQuadLC/MS, AgilentTechnologies, USA). Был изучен ингибирующий эффект этих веществ по отношению фосфорилирования по тирозину рецептора фактора роста гепатоцитов (MET) с помощью моноклональных антител методом ELISA (Sigma, Germany). Тирозинкиназный MET- рецептор с высоким сродством к фактору роста гепатоцитов, многофункциональный цитокин. MET в норме экспрессируется клетками эпителиального происхождения. После связывания лиганда, MET димеризуется и трансфосфорилирует остатки тирозина в С-концевой домене, который затем взаимодействует с членами различных сигнальных путей. В физиологических условиях, MET- сигнальный путь влияет на широкий спектр биологической активности в зависимости от клетки-мишени. Эти события варьируют от клеточной пролиферации (митогенез) к клеточной пролиферации (морфогенез) и подвижности. Аномальная активация MET при раке коррелирует с плохим прогнозом, так как дерегулированный MET провоцирует опухолевый рост, ангиогенез, метастазирование. Кумарин в концентрации 10 и 20 мкМ добавляли в клеточную культуру рака тонкого кишечника и инкубировали в течение часа, затем лизировали клетки и определяли уровень фосфорилирования рецептора MET. Эксперименты показали, что кумарин в концентрации 10 мкМ ингибирует фосфорилирование рецептора на 6%, а в концентрации 20 мкМ - на 13%. Камферол в концентрациях 10 мкМ и 20 мкМ снижает фосфорилирование на 9% и 27%, соответственно. Результаты показывают, что эти вещества влияют на регуляцию рецептора, причем камферол проявляет более сильный ингибирующий эффект на фосфорилирование рецептора. Таким образом, новое свойство этих биологически активных веществ может быть одним из механизмов действия и использоваться в разработке противоопухолевой терапии.

**TRANSCRIPTION FACTOR - *HY5* GENE REGULATES
PHOTOMORPHOGENESIS AND IMPROVED PLANT POTENTIAL**
Ayubov MS*, Usmonov DE, Norov TM, Mirzakhmedov MK, Akhmedov MS,
Islomiddinov Z, Tolibova Z, Ubaydullaeva KA, Buriev ZT,
prof. Abdurakhmonov IY.

Center of Genomics and bioinformatics, Academy Sciences of Republic of Uzbekistan*:
mirzo.ayubov@gmail.com

Abstract

Under light condition seedlings show a short hypocotyl with green and expanded cotyledons. Dark-grown seedlings show a long hypocotyl with yellow and unopened cotyledons. Determining of light-depended plant development processes is so important to understand their physiology. Molecular genetic approaches can dissect of light-regulated development mechanism in young seedlings. Previous studies showed that the *hy1*, *hy2*, *phyB* (formerly designated *hy3*), and *hy6* mutants have been shown to be deficient in phytochromes, whereas the *hy4* mutant is deficient in a blue light receptor. Among of the six *hy* loci, molecular role of the hypocotyl elongated-5 (*HY5*) gene has been well characterized in model plants but not in unique natural fiber crop cotton (*Gossypium spp.*). We cloned and characterized cotton *HY5* genes from *Gossypium* genus. To analyze *HY5* gene functions, we designed hairpin RNAi construct for cotton *HY5* gene that introduced to cells, should specifically suppress the targeted gene expression. A vector construct bearing *HY5* cassette (“pHY5”, driven by 35S promoter) and kanamycin resistance gene marker was developed and somatically transformed into Coker-312. RNAi plants were obtained using somatic embryogenesis. Candidate RNAi plants bearing the *HY5* RNAi construct were verified using PCR reaction that amplifies specifically *HY5* insertions from the genomic insertion of vector construct. Phenotypic observations of pHY5 RNAi plants throughout multiple year/season and generation greenhouse and field evaluations demonstrated early flowering, increased yield and fiber length improvements, as well as developed vigorous root systems compared to wild-type controls. To mobilize pHY5 insertions from Coker-312, several commercial Upland cotton cultivars were sexually hybridized and multiple-time backcrossed to the recurrent parent to develop local RNAi Upland cotton varieties. These *HY5* RNAi Uland cultivars are being field tested to be released to the farmers. Our efforts helped to accurately regulate *HY5* gene function and related agronomically important traits in complex plant genomes such as allopolyploid cotton.

**ГЕН НОКАУТ ТЕХНОЛОГИЯСИ ЁРДАМИДА ОЛИНГАН МИКРО
ТУГАНАКЛАРДАН КАРТОШКА ЕТИШТИРИШ**

Бобожанова Ф.И., Маматкулова Ш.Х., Омаров С.А., Исломов А.Б.,
Рахманов Б.К., Резаева Б.Р., Убайдуллаева Х.А., Буриев З.Т.

ЎзР ФА, Геномика ва биоинформатика маркази
111215, Ўзбекистон, Тошкент вил., Қибрай тум., Университет кўч., 2-уй.

Картошка (*Solanum tuberosum* L.) етиштириш майдонида кўра жахонда учинчи энг муҳим экин тури ҳисобланади. Картошкани сайёрамизнинг 3 млрд. дан зиёд

аҳолиси истеъмол қилади ва у иккинчи нон номини ҳам олган. 150 дан ортик давлатлар картошка етиштириш билан шуғулланади. Картошка етиштиришнинг энг долзарб муаммоларидан бири унинг маълум даражада вирусли, бактерияли ва замбуруғли касалликлар ҳамда турли зараркунандалар билан зарарланишга мойиллигидир. Картошка ўзининг жуда тез касалланиши даражаси билан маданий ўсимликлар қаторида 2 ўринда туради [1, 2].

Қишлоқ хўжалиги экинлари навларини анъанавий селекция усуллари ёрдамида яратиш 15-20 йил вақтни талаб этади. Ҳозирги кунда қисқа муддатларда ҳосилдор, касаллик ва зараркунандалар ҳамда ҳашаротларга чидамли янги картошка навларини яратиш олимлар олдида турган муҳим вазифалардан бири ҳисобланади.

Ушбу вазифани маълум даражада ҳал этиш мақсадида Геномика ва биоинформатика марказининг трансгеномика ва тўқималар культураси лабораториясида картошканинг Дезире, Атлант ва маҳаллий Сарнав-17 навлари *in vitro* шароитида ўстирилиб, уларга РНУВ, ESKIMO, LAE конструкциялари трансформация қилинди.

Ушбу конструкциялардан фойдаланишдан мақсад картошкани қатор агрономик хусусиятлари (ҳосилдорлик, эртапишарлик ва чидамлилик кабилар)ни яхшилаб қисқа муддатларда янги биотехнологик навларни яратиш.

РНУВ генетик конструкцияси ўсимлик онтогенезини бошқарадиган дирижёр генлардан бири бўлган қизил нур рецептори генини фаолиятини сусайтирувчи ген ҳисобланади.

ESKIMO ҳамда LAE генетик конструкциялари ўсимликларнинг абиотик омилларга, жумладан қурғоқчилик, шўрланиш ва совуққа ҳамда турли касалликларга чидамлилигини оширишда муҳим аҳамиятга эга.

Ушбу конструкциялар ёрдамида ўсимликларни трансформациялаш натижасида 80% трансген ўсимликлар олишга эришилди. Улар микро ва макроэлементларга бой озуқа муҳитида қоронғу шароитда *in vitro* ўстирилиб, 8-10 кундан сўнг микротуганаклар ҳосил бўлиш жараёни кузатилди. Ҳосил бўлган микротуганаклар икки ой муддатга тиним даврини ўташ учун паст ҳароратга қўйилди.

Ҳосил бўлган микро туганакларни иссиқхона шароитида махсус субстрат (торф, кум, тупроқ 1:1:1 нисбатда)га экилди ва 5-10 кундан сўнг улардан яхши ривожланган поялар ўсиб чиқди. Икки ойдан сўнг очиқ дала шароитида етиштириш мумкин бўлган тўлиқ картошкалар олишга эришилди. Ҳозирги кунда, ушбу картошка туганакларини очиқ майдонларга экиб сифатли ва соғлом картошка ҳосилини олиш бўйича илмий-амалий тажрибалар давом эттирилмоқда.

ФОЙДАЛАНИЛГАН АДАБИЁТЛАР РЎЙХАТИ

1. Gearheard S, Pocerich M, Stewart R, Sanguya J, Huntington HP (2010). Linking Inuit knowledge and meteorological station observations to understand changing wind patterns at Clyde River, Nunavut. *Clim. Change*, 100:267-94.
2. Xingquan, W., Tan, X., Chen, S. and Xie, L. 2006. Cloning and sequence analysis of CP gene of a potato leaf roll virus isolate from Fujian. *J. Henan Agric. Univ.* 40 (4): 391-393.

ҒЎЗА ҰСИМЛИГИНИ БИСУЛЬФИТ УСУЛИ ЁРДАМИДА ЭПИГЕНЕТИК ТАДҚИҚ ЭТИШ

Буриев З.Т., Рахманов Б.К., Убайдуллаева Х.А., Шерматов Ш.Э.,
Абдурахмонов И.Ю.

ЎзР ФА Геномика ва биоинформатика маркази
111215 Тошкент вилояти, Университет кўчаси 2 уй
zabar75@yahoo.com

Ҳозирги кунда эпигеномика кенг миқёсда тадқиқ этилаётган биология соҳаларидан бири ҳисобланади. Ұсимликларнинг ўсиш-ривожланиши ва стресс омилларга жавоб реакцияларида эпигенетика катта аҳамиятга эга. Сўнгги йилларда илмий-таҳлилий усуллар ишлаб чиқишда эришилган ютуқлар организм геномларини эпигенетик жиҳатдан тадқиқ қилиш ва унинг механизларини англаш учун янги имкониятлар очиб бермоқда [1].

Эпигенетик механизмлар сифатида нисбатан яхши ўрганилган ДНК метилланиши, гистон модификацияси ва РНК интерференцияси ҳужайрада амалга ошувчи ген экспрессияси, ДНК репликацияси ва рекомбинацияси каби кўплаб жараёнларни бошқаришда муҳим рол ўйнайди. Ұсимликларда ДНК метилланиши CG, CHG ва CHH (H келса, бу A, C ёки T) нуклеотид кетма-кетликлари шаклида учрайди [2].

Ушбу тажрибаларимизда галл нематодаларига нисбатан чидамлик хусусиятларига эга бўлган ғўзанинг *MIC-3 (Meloidogyne Induced-Cotton-3)* ген промотори регионидаги эпигенетик жараёнларни ўргандик [3]. Нишонланган промотор региони сифатида *MIC-3* промоторининг 307 нуклеотид жуфтлиги узунлигидаги гиперметилланган CG, CHG ва CHH сайтлари танлаб олинди. Тадқиқотдан кўзланган мақсад, нематодаларга чидамли (M-315) ва чидамсиз (M-8) бўлган ғўза навларининг ген экспрессиясига эпигенетик жараёнлар таъсирини ўрганиш ва ундаги фарқларни таҳлил қилишдан иборат. Ушбу ғўза генотипларининг барг ва илдиз тўқималаридан ажратиб олинган ДНК намуналарида махсус бисульфит реакцияси ва нуклеотид кетма-кетлиги аниқланди.

Тадқиқот натижаларига кўра, промотор гиперметилланган регион CG ва CHG сайтларида чидамли (M-315) ва чидамсиз (M-8) навларнинг барг ва илдиз қисмларида фарқлар кузатилмади, лекин ғўза барг намуналарининг CHH сайтларида сезиларли метилланиш ўзгаришлари аниқланди, бу жараён DRM2 ва SMT2 ДНК метилтрансферазалари томонидан бошқарилади. Икки генотипнинг баргларида илдиз қисмларига нисбатан метилланиш даражалари 60% га юқори бўлган. Бирламчи натижалар шуни кўрсатяптики, илдиз учун специфик бўлган *MIC-3* генининг экспрессияси метилланиш механизми орқали эпигенетик жиҳатдан бошқарилган. Бу эса *MIC-3* генининг нематода патогенезида янги генетик функционал аҳамиятини ёритишга олиб келади. Тадқиқотнинг навбатдаги босқичларида чидамли ва чидамсиз генотипларнинг қиёсий профиллари муҳокама қилинади.

ФЙДАЛАНИЛГАН АДАБИЁТЛАР РЎЙХАТИ

1. Hu Y., Morota GRosa., G.J. M., and Daniel Gianola. Prediction of Plant Height in *Arabidopsis thaliana* Using DNA Methylation Data. 2015. Genetics, Vol. 201, 779–793.

2. Gouil Q, Baulcombe DC (2016) DNA Methylation Signatures of the Plant Chromomethyltransferases. PLoS Genet 12(12): e1006526. 1006526.
3. Buriev ZT, Saha S., Abdurakhmonov IY, Jenkins JN, Abdukarimov A., Scheffler BE, Stelly DM. 2010. Clustering, haplotype diversity and location of *MIC-3*: a unique root-specific defence-related gene family in Upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.) Theor. Appl. Genet. 120(3):587–606.

АНАЛИЗ РОЛИ НЕКОТОРЫХ ГЕНОВ ПРОВОСПАЛИТЕЛЬНЫХ ЦИТОКИНОВ В ПАТОГЕНЕЗЕ И КЛИНИЧЕСКОМ ТЕЧЕНИИ ПАРОДОНТИТА В УЗБЕКИСТАНЕ

¹Гульмухамедов П.Б., ¹Худанов Б.О., ²Йулдашева Н.Г., ²Зоиров Ш.Г.

¹Министерство Здравоохранения Республики Узбекистан
Ташкентский Государственный стоматологический институт
г. Ташкент, Яшнабадский район, ул. Тараққийёт, 103, info@tsdi.uz

²Министерство Здравоохранения Республики Узбекистан
НИИ Гематологии и Переливания Крови.
г.Ташкент, Чиланзарский район, ул. Бунёдкор д. 42-а.,
info.niigem@minzdrav.uz

В настоящее время заболевания пародонта представляют собой сложную проблему, которая приобретает не только медицинскую, но и социальную значимость. Как известно, генетические факторы также являются возможными причинами развития пародонтита.

Цель работы: Изучить частоты неблагоприятных генотипических вариантов генов TNF- α (rs1800629) и IL-1 β (rs1143634) и оценить их роль в прогнозировании развития и особенностях клинического течения хронического пародонтита.

Материал и методы: Материалом для наших исследований служили образцы ДНК 80 больных пародонтитом. Контрольная группа была сформирована из 70 неродственных условно-здоровых лиц. Экстракция геномной ДНК была произведена из лимфоцитов периферической крови. Выделение ДНК из слюны и лимфоцитов крови проводили в соответствии с методикой, приведенной в руководстве Сэмбрук и др. 1989, с некоторыми модификациями, а также, с использованием набора «Ампли Прайм РИБО-преп» (ООО «Интерлабсервис», Россия). Концентрацию и чистоту выделенной ДНК измеряли на спектрофотометре NanoDrop 2000 (США). Тестирование полиморфизмов генов (rs1800629) и IL-1 β (rs1143634) проводили путем стандартной полимеразной цепной реакции на термоциклере «Applied Biosystems» 2720 (США).

Результаты. При сравнительном анализе частот распределения генотипов и аллелей полиморфизма rs1800629 (G308A) гена TNF- α между группой больных с пародонтитом и контрольной группой были выявлены статистически незначимые различия ($P > 0.05$). Частота встречаемости мутантного аллеля 308A в основной и контрольной группах составила 5.0% и 1.4%, соответственно. Согласно рассчитанному коэффициенту соотношения шансов, носительство функционально-неблагоприятного аллеля “А” полиморфизма 308G>A гена TNF- α в 4.5 раза статистически недостоверно увеличивает риск развития ($\chi^2=2.2$; $P= 0.1$; OR=4.5; 95% CI 0.5176- 38.84).

Частота генотипов G/G, A/G и AA в основной группе больных составила 90.0%, 10.0% и 0.0%, тогда как в популяционной выборке 97.1%, 2.9% и 0.0%, соответственно. При этом, в обеих группах неблагоприятный генотип A/A не был выявлен. Согласно коэффициенту соотношения шансов, риск развития пародонтита при наличии полиморфизма G308A гена TNF- α в 4.6 раза выше ($\chi^2=2.3$; P= 0.1; OR=4.6; 95% CI 0.524-40.35). Однако такое различие в исследованных группах имело статистически недостоверный характер. Полученные данные свидетельствуют о наличии тенденции к ассоциации редкого аллеля или гетерозиготного генотипа с развитием заболевания. Недостоверность этого результата может объясняться недостаточной численностью выборки больных. Гомозиготный дикий генотип G/G наоборот, статистически недостоверно чаще встречался в популяционной выборке (97.1%), тогда как в группе больных пародонтитом частота его встречаемости составила 90.0 % ($\chi^2 =2.1$; P=0.1; OR=0.3; 95% CI 0.046-1.51). Характер распределения частот генотипов и аллелей по полиморфизму rs1143634 гена IL-1 β оказался одинаков во всех сравниваемых группах. В исследованных выборках достоверных различий в частоте распределения генотипов и аллелей по данному полиморфизму не выявлено (P>0.05).

Выводы: Полученные нами результаты анализа свидетельствуют о наличии тенденции к ассоциации полиморфизма rs1800629 гена TNF- α с развитием пародонтита.

ОПРЕДЕЛЕНИЕ ФАКТОРОВ ПАТОГЕННОСТИ *ERWINIA AMYLOVORA* (*BURRILL*) *WINSLOW ET AL.*

Гузалова А. Г., Хасанов Б. А., Бабаханова М., Новичкова А.А., Мухсинов Н..

Узбекский Научно-исследовательский институт защиты растений.
102130, Ташкентская область, Кибрайский р-н, пос. Салар, ул. Бобура,

Среди возбудителей бактериозов, включенных в перечень карантинных объектов, одним из наиболее опасных является возбудитель бактериального ожога плодовых культур *Erwinia amylovora* (1).

При взаимодействии с растениями патогенные бактерии используют разнообразные приемы для наиболее эффективного развития в клетках и тканях хозяев.

Целью нашего исследования было изучение влияния состава питательной среды на подвижность и вирулентность бактерии *E. amylovora*. Известно, что для эффективной колонизации цветков бактериям необходима подвижность. Более подвижные бактерии являются более вирулентными при инфицировании устойчивых сортов яблони и образуют устойчивые консорциумы (2,3).

Для определения влияния компонентов питательной среды на синтез полисахаридов амиловорана и левана штаммов бактерии *E. amylovora*, выделенных из яблони Л5 и черешни штамм № 2 и нами было проведено культивирование в жидкой LB-среде без сахарозы и LB-среде с 5% сахарозой на лабораторной качалке при 190 об/мин., температура культивирования 270С в течение 2-х суток. Микроскопирование культуры культуры проводили через 12, 24, 38 и 46 часов.

К концу 2-х суток культуры в колбах с LB-среде с 5% сахарозой стали более желеобразными, от синтеза полисахаридов, чем на среде с LB-среде без сахарозы, и микроскопирование показало, что клетки очень подвижно двигаются прямолинейно и через 12, 24, 38 и 46 часов, так же когда это была и молодая 12-ти суточная, так и 2-х суточная культура в обоих вариантах, что показывает на способность изучаемых штаммов Л5 и №2 к синтезу амиловорана и накоплению в среде левана.

Для проверки влияния питательной LB-среды и LB-средой с 5% сахарозой на вирулентность бактерии *E. amylovora* был проведен тест на патогенность по методу Уайта (1). Через 2 суток в местах уколов стали появляться некротические пятна, независимо на какой среде культивировали бактерию и на 3 сутки выделялся молочно-белый экссудат из колоний *E. amylovora*, которые культивировали как на LB-средой с 5% сахарозой, а на LB-среде без сахарозы выделялся молочно-белый экссудат на 4-5 сутки.

Таким образом, нами было выявлено, что проявление вирулентности исследуемых штаммов Л5 и №2 зависит от наличия углеводов в питательной среде (LB-среда и LB-среда с 5% сахарозой), способностью к синтезу полисахаридов амиловорана и левана и может быть лимитирующим фактором ограничивающим распространение фитопатогенной бактерии *E. amylovora*.

Список литературы

1. Методические указания по учету, выявлению и диагностике ожога плодовых деревьев, вызываемого бактерией *Erwinia amylovora* (Burrill) Winslow et al. А.Г.Гузалова, Б.А.Хасанов, Р.О.Очилов, А.У.Сагдуллаев. Ташкент 2015г.
2. Whitehead N.A. et al. The regulation of virulence in phytopathogenic *Erwinia* species: quorum sensing, antibiotics and ecological considerations. In: Antonie Van Leeuwenhoek, 2002, vol. 81, nr. 1-4, p.223-231.
3. Barnard, A. L. Quorum sensing, virulence and secondary metabolite production in plant soft-rotting bacteria / A.L. Barnard, S.D. Bowden, T.

МЕТОДЫ ИДЕНТИФИКАЦИИ *ERWINIA AMYLOVORA* (BURRILL) WINSLOW ET AL.

Гузалова А. Г., Хасанов Б. А., Бабаханова М., Новичкова А.А., Мухсинов Н.

Узбекский Научно-исследовательский институт защиты растений.
102130, Ташкентская обл., Кибрайский р-н, пос. Салар, ул. Бобура,

В связи с тем, что бактериальный ожог плодовых деревьев (возбудитель *Erwinia amylovora*) относится к числу самых опасных болезней, при благоприятных условиях поражение может составлять от 20-100%, идентификация возбудителя является актуальной проблемой фитопатологов и работников карантинных служб. Самым простым и надежным методом идентификации патогенных бактерий *E. amylovora* является метод заражения зеленых плодов груши культурой бактерий – метод Уайта. Основными недостатками этого метода являются, недостаточная чувствительность и не всегда наличие незрелых плодов груши. Кроме того, разработаны методы идентификации бактерий выращиванием на диагностических питательных средах. Разработаны также серологические и иммуноферментные (ИФА) методы диагностики бактериального ожога. Широко применяются методы

молекулярной биологии, такие как матрично-активированная лазерная десорбция/ионизация, метод LAMP и т.д.(1).

Помимо этого, современные методы диагностики трудоемки, очень дороги и занимают достаточно большой период времени.

Целью нашего исследования было разработать экспресс-методы для быстрой, доступной и недорогой идентификации *Erwinia amylovora*.

В связи с тем, что появление возбудителя бактериального ожога на территории нашей республики было обнаружено относительно недавно, и идентификация возбудителя по внешним признакам затруднена, нами была проведена идентификация *Erwinia amylovora* с применением селективных микробиологических сред, а именно культивирование бактерии на селективной среде MM1Cu (отсутствие роста) и предложен экспресс метод идентификации: *E. amylovora* является факультативным анаэробом, в отличие от флюоресцирующих *Pseudomonas syringae*, *Pseudomonas cerasus* и *Xanthomonas* spp., которые являются аэробными бактериями и для роста которых необходимо наличие кислорода.

При выделении возбудителя бактериального ожога из образцов заражённых плодовых деревьев, вместе с *Erwinia amylovora* часто выделяется также *Pseudomonas syringae* и получение чистой культуры бактерий и идентификация на селективных средах приводит к потере времени, а также то, что не всегда имеются в наличии незрелые груши для проведения теста Уайта.

Для дальнейшей идентификации возбудителя мы предложили использовать метод культивирования изолированных фитопатогенных бактерий под стерильным вазелиновым маслом. При данном способе культивирования на 2-4 сутки в анаэробных условиях вырастают только штаммы бактерии *Erwinia amylovora*, а рост фитопатогенных бактерий *Pseudomonas syringae* и *Xanthomonas* spp. отсутствует.

Таким образом, для идентификации фитопатогенной бактерии *Erwinia amylovora* нами предложена селективная среда MM1Cu на которой возбудитель бактериального ожога не растёт, а так же при создании анаэробных условий культивирования, бактерия *Erwinia amylovora* имеет способность к росту, в отличие от других фитопатогенных бактерий.

Список литературы

1. Методы выявления и идентификации возбудителя ожога плодовых деревьев. Москва. http://vniikr.ru/files/pdf/tehn%20comitet/t_prst3.pdf

РАВНАҚ-1 НАВИДА ЎТКАЗИЛГАН QTL ЭФФЕКТИНИ СТАТИСТИК ТАҲЛИЛЛАР ЁРДАМИДА БАҲОЛАШ

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

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

Гўзанинг янги генотипларини шакллантиришда белгиларнинг ирсийланиш хусусиятларини ҳамда уларнинг бир-бир билан ўзаро боғлиқликларини (генетик корреляциясини) баҳолаш муҳим ҳисобланиб, тадқиқ қилинаётган белгилар бўйича объектив маълумотлар олиш ҳамда олинган маълумотларни амалий селекцияда қўллаш имконини беради. Бундан ташқари, ушбу белгиларни бошқарувчи генларнинг ирсийланиш хусусиятлари ҳамда уларнинг бир-бири билан ўзаро боғлиқлиги бўйича тушунчага эга бўлиш юқори сифатли янги навлар яратишда селекция жараёнларини тезлаштириш учун хизмат қилади.

Ушбу тадқиқотнинг асосий мақсади молекуляр-генетик ҳамда статистик усуллардан фойдаланиб маркерларга асосланган селекция (МАС) технологияси асосида яратилган Равнақ-1 навининг тола узунлиги ва пишиқлиги белгисига донор геномидан ўтказилган QTL-аллелининг эффектини аниқлаш ҳамда тола сифат кўрсаткичлари ўртасидаги генетик корреляциясини ўрганишга қаратилган.

Дала тадқиқот тажрибалари уч такрорда, рандомизация (тасодикий жойлаштириш) усулида олиб борилди. Ҳар бир такрордан териб олинган Равнақ-1 нави ва назорат намуналари толалари HVI ускунасида таҳлил қилинди.

Дастлаб, барча намуналар бир-бири билан ўрганилаётган белгилар бўйича ANOVA (ANalysis Of VAriance) дисперсион таҳлили ёрдамида солиштирилди. Намуналарнинг бир-биридан ўзаро фарқ қилиши аниқлангандан сўнг бир омилли дисперсион (One Way ANOVA) таҳлил ўтказилди. Тола пишиқлиги ва узунлиги каби асосий сифат параметрлари Равнақ-1 навида бу кўрсаткичларнинг назорат намуналариникига нисбатан фарқи, яъни анча яхшиланганлиги кузатилди.

Шунингдек, белгиларнинг бир-бири билан генетик корреляциясини ўрганиш мақсадида тола микронейри, пишиқлиги, узунлиги, бир-хиллилиги, элонгацияси, ялтироқлик коэффициенти ҳамда сариқлик даражаси каби асосий сифат кўрсаткичлари бўйича олинган HVI маълумотлари “Пирсон Корреляцияси” бўйича статистик таҳлил қилинди. Пирсон чизиқли корреляцияси (Pearson's Test of Linear Correlation) таҳлил натижаларига кўра тола узунлиги толанинг сариқлик даражасига нисбатан ўртача манфий корреляцияга (-0,387), толанинг бир-хиллилиги параметри билан эса ўртача мусбат корреляцияга (0,37) эга эканлиги аниқланди. Худди шу белгилар билан тола пишиқлиги кўрсаткичи ўртасида ҳам ўзаро манфий ҳамда мусбат корреляция мавжуд эканлиги қайд этилди. Тола пишиқлиги ҳамда тола узунлиги белгиларининг тола бир хиллилиги кўрсаткичига нисбатан сезиларли даражадаги мусбат корреляция кузатилган бўлса, бошқа тола сифат кўрсаткичлари билан бу икки белги ўртасида манфий ёки кучсиз мусбат корреляция мавжудлиги аниқланди. Толанинг пишиқлиги унинг узунлиги билан ўзаро юқори мусбат генетик корреляцияда (0,516) эканлиги аниқланди.

Статистик таҳлиллар бўйича олинган ушбу маълумотлар MAS технологияси ёрдамида интрогрессия қилинган, толанинг пишиқлиги ва узунлиги белгиларига

генетик бириккан QTL локусларининг аҳамиятини ва шунингдек ушбу технология самарадорлигини яна бир кўрсатиб беради.

МАС УСУЛЛАРИДАН ФОЙДАЛАНИБ ҒЎЗАДА ТОЛАНИНГ ЭЛОНГАЦИЯ ПАРАМЕТРИНИ ЯХШИЛАШ

Дарманов М.М., Тураев О.С., Макамов А.Х., Ходжаева У. Норбеков Ж.Қ.,
Кушанов Ф.Н., Абдурахмонов И.Ю.

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

Барча селекция дастурларининг мақсади ген ёки генлар жамланмасининг донор ўсимликдан бошқа бир реципиент организмларга ўтказишини таъминлашдан иборат бўлиб, одатда анъанавий селекция усулларида амалга ошириб келинган. Ўз навбатида, анъанавий селекция усуллари ягона ген томонидан бошқариладиган белгиларни тадқиқ қилишда энг самарали восита ҳисобланишига қарамай, кўплаб генлар томонидан бошқариладиган комплекс (мураккаб) микдорий белгилар селекциясида уларнинг самарадорлиги пастроқдир.

Комплекс фойдали генларга эга бўлган индивидларни аниқлаш ва улардан селекция ишларида фойдаланиш ҳозирги кунда асосан ДНК-маркерлар технологияси ёрдамида олиб борилмоқда. Қимматли микдорий белгилар локусларига (генларга) генетик бириккан ДНК-маркерлари янги нав яратиш жараёнида селекционер томонидан олиб борилаётган танловнинг ўта аниқликда амалга оширилишига хизмат қилади.

Тадқиқот учун толанинг чўзилувчанлиги (элонгация) белгиси юқори бўлган донор линияси (Saeng rena-85) ҳамда Андижон-35 нави танлаб олинди. Намуналар МАС усулларида фойдаланиб ўзаро, беккросс ҳамда ўзини ўзига чатиштириш орқали ВС4F3 авлод дурагайлари олинди. ВС4F3 дурагайлари ва ота-она намуналари тола сифати HVI ускунасида таҳлил қилинди. “СИФАТ” маълумотларига кўра толанинг чўзилувчанлиги (элонгация) белгиси ўртача, Андижон-35 навида – 7,4 %, Saeng rena-85 линиясида – 8,8 % га ва ВС4F3 дурагайларида – 8,5% (максимал 10,0 гача) эканлиги аниқланди.

Хулоса ўрнида шуни айтиш мумкинки, BNL3545 ДНК-маркери ёрдамида ўтказилган QTL-аллели дурагайларда ўзининг ижобий таъсирини кўрсатди ва Андижон-35 навида нисбатан тола чўзилувчанлиги юқори бўлган линиялар яратилишига хизмат қилди. Ҳозирда тадқиқ қилинаётган ушбу белги бўйича юқори кўрсаткичли намуналар индивидуал танлов асосида танлаб олинмоқда ва яқин йиллар ичида янги нав сифатида ишлаб чиқаришга жорий этилади.

СРАВНИТЕЛЬНЫЙ АНАЛИЗ ГЕНОФОНДОВ УЗБЕКОВ, КАЗАХОВ, КАРАКАЛПАКОВ, ТУРКМЕН И ДУНГАН ПО МАРКЕРАМ Y-ХРОМОСОМЫ

¹Жабагин М., ²Турдикулова Ш., ³Сабитов Ж., ⁴Схаляхо Р., ⁵ Юсупов Ю.,
⁶Балаганская О., ⁷Далимова Д., ⁷Давлетчурин Д., ¹Акильжанова А., ⁶Балановская Е.,
⁴Балановский О.

¹National Laboratory Astana, Назарбаев Университет, Астана, Казахстан
maxat.zhabagin@nu.edu.kz, akilzhanova@nu.edu.kz

²Институт биоорганической химии, Ташкент, Узбекистан
shahlo.ut@gmail.com

³Евразийский национальный университет Л.Н. Гумилева, Астана, Казахстан
babasan@yandex.ru

⁴ФГБУН Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, Москва, Россия
shalyaho.roza@yandex.ru, balanovsky@inbox.ru

⁵ГАНУ «Институт стратегических исследований Республики Башкортостан»
ufa1980@yandex.ru

⁶ФГБНУ «Медико-генетический научный центр», Москва, Россия
olga.vasinskaja@mail.ru, balanovska@mail.ru

⁷Центр высоких технологий, Ташкент, Узбекистан
dilbar.dalimova@gmail.com, damirdavletchurin@mail.ru

Изучена структура генофондов пяти народов исторического региона Центральной Азии – Трансоксианы – по 35 SNP и 17 STR маркерам Y-хромосомы. Суммарно генотипировано 780 образцов, представляющих следующие 10 популяций: казахи (Казалинский и Жанакорганский районы, сельские окрестности городов Арыс и Шымкент), узбеки (Ферганская, Хорезмская и Ташкентская области), каракалпаки (Нукусский район), туркмены (Ходжейлинский и Шуманайский район) и дунгане (Ташкентская область). В генофонде Трансоксианы обнаружено 27 гаплогрупп, четыре из которых являются наиболее частыми (C2*, C2b1a2, Q, R1a1a*), однако в разных популяциях они распространены крайне неравномерно. Гаплогруппа C2-M217 составляет почти две трети генофонда южных казахов. Гаплогруппа R1a1a-M198 достигает четверти генофонда узбеков, а также часто встречается в одной из популяций казахов (Жанакорган) и у дунган. Гаплогруппа Q-M242 составляет более двух третей генофонда туркмен. Для родоплеменных групп накопление отдельных гаплогрупп выражено еще сильнее, чем для географических популяций.

Популяции Трансоксианы были сопоставлены с 69 другими популяциями Азии. Обнаружено, что земледельческие популяции узбеков и таджиков, а также киргизы, генетически отдалены от большинства кочевых популяций (монголов, казахов, хазарейцев). Туркмены Узбекистана формируют обособленный генетический кластер вместе с туркменами Ирана и Афганистана. Дунгане Узбекистана генетически ближе к исторически и родственным им популяциям Китая, чем к соседним популяциям узбеков. Каракалпаки генетически занимают промежуточное место в генетическом пространстве Трансоксианы.

Для выяснения основных факторов, сформировавших структуру генофонда Трансоксианы, мы изучили генетические различия между популяциями методом AMOVA. Географический ландшафт Трансоксианы, несмотря на его контрастность (пустыни и плодородные бассейны рек, предгорья и низменности), не оказывает

прямого влияния на генетический ландшафт. Основную роль в структурировании генофонда играет хозяйственно-культурный тип: деление на земледельцев и кочевников. Этот вывод подтвержден и тестом Мантеля, показавшим, что генетические расстояния между популяциями Трансоксианы, в отличие от большинства других регионов мира, не скоррелированы с географическими расстояниями между ними.

Работа выполнена при поддержке грантов РФФИ 14-14-00827, 17-14-01345, РФФИ №16-06-00303_a и Программ Президиума РАН "Молекулярная и клеточная биология", "Динамика генофондов", Программно-целевым финансированием МОН РК (№0114РК00492, 0115РК01931) Назарбаев Университет.

ВЗАИМОСВЯЗЬ ПОЛИМОРФИЗМА -1997G/T ГЕНА COL1A1 С РИСКОМ РАЗВИТИЯ ОСТЕОПОРОЗА В УЗБЕКСКОЙ ПОПУЛЯЦИИ

Ибрагимов З.З., Шамсутдинова Д.Б.

НИИ Гематологии и Переливания крови МЗ РУз.
100097, Чиланзарский район, ул. Бунёдор 42а
info.niigem@minzdrav.uz

Остеопороз (ОП) – системное заболевание скелета, основными проявлениями которого являются снижение костной массы и нарушение микроархитектоники костной ткани, ведущие к увеличению риска переломов. По данным литературы известно, что ОП является классическим мультифакториальным заболеванием. Среди многих генов-кандидатов, участвующих в регуляции метаболизма костной ткани, ген коллагена (COL1A1) является важным функциональным кандидатом, влияющим на патогенез остеопороза.

Цель работы: Изучить влияние полиморфизма rs1107946, гена COL1A1 на развитие остеопороза в популяции Узбекистана.

Материалы и методы исследований. Обследовано 235 человек из которых 98 больных ОП и 137 условно-здоровых лиц. Диагноз ОП устанавливали по стандарту, на основании данных клинического и денситометрического исследований. Выделение ДНК из периферической крови производили при помощи набора «Ампли Прайм Рибо-преп» (ООО «Некст Био», Россия), в соответствии с инструкциями фирмы-производителя. Тестирование полиморфизма rs1107946 гена COL1A1 проводили на ПЦР-амплификаторе Rotor Gene 6000 (Corbett, Австралия), с использованием тест-системы компании «Синтол» (Россия), согласно инструкции производителя. Статистический анализ результатов проведен с использованием пакета статистических программ «Open Epi 2009, Version 2.3» и «Doctor Stat 2013».

Результаты. Наблюдаемое распределение частот генотипов rs1107946, в исследованных выборках соответствовало ожидаемому в соответствии с равновесием Харди-Вайнберга (ХВ) ($\chi^2=2.89$; $p=0.59$). Полученные по этим маркерам результаты хорошо коррелируют между собой свидетельствуя об однородности исследованных групп и с учетом объема выборки о действительном отсутствии отклонений от ХВ. При сравнении частот генотипов и аллелей полиморфизма rs1107946 гена COL1A1 в исследованных группах больных и контроля были выявлены статистически значимые различия. Частота распределения аллелей G и T составила: 69.9% и 30.1% – в группе ОП и 83.9% и 16.1% – в

контрольной группе. Согласно рассчитанному коэффициенту соотношения шансов, риск развития ОП у носителей “Т” аллеля был в 2.2 раза выше, чем у носителей аллеля “С” ($\chi^2=13.17$; $P=0.0003$; $OR=2.25$; 95% CI 1.44 – 3.51). Частота распределения G/G, G/T и T/T генотипов, составила: 50.0%, 39,8% и 10.2% – в группе ОП и 70.1%, 27.7% и 2.2% – в контрольной группе. В обеих исследованных группах генотип G/G оказался преобладающим, его частота колебалась от 70.1% в группе контроля до 50.7% в группе больных. Отмечена тенденция повышения частоты распределения функционально-неблагоприятного гетерозиготного генотипа G/T в группе больных, по сравнению с контрольной группой (39.8% и 27.7%, соответственно). Однако, подобные различия оказались статистически не достоверными, но в то же время, близки к статистически значимому уровню ($\chi^2<3.8$; $P>0.05$; $OR=1.72$; 95% CI. 0.99 – 2.99), что возможно, связано с относительно низкой частотой данного генотипа в нашей популяции. Выявлено, что в группе пациентов частота встречаемости неблагоприятного генотипа T/T достоверно выше, чем в группе контроля (10.2% и 2.2%, соответственно; $\chi^2=12.9$; $P=0.002$; 95% CI: 1.36 – 18.96), что означает, что данный генотип может являться маркером повышенного риска развития ОП. Сравнительный анализ распределения частот сочетаний неблагоприятных генотипов G/T и T/T также свидетельствовал о наличии статистически значимых различий ($\chi^2=9.74$; $P=0.002$; $OR=2.34$; 95% CI. 1.37 – 4.01)

Заключение. Полученные результаты согласуются с предположением о наличии патогенетической связи между полиморфизмом rs1107946 гена COL1A1 и выявлением минорного “Т” аллеля и генотипа T/T, являющихся генетическими маркерами повышенного риска развития ОП в местной популяции, в отличие от аллеля “G” и генотипа G/G данного гена, обладающих протективными свойствами.

РЕГУЛЯЦИЯ ЭКСПРЕССИИ ГЕНА МНОЖЕСТВЕННОЙ ЛЕКАРСТВЕННОЙ УСТОЙЧИВОСТИ В МИОМАХ МАТКИ ПРИ ЛЕЧЕНИИ

Исанбаева Л.М., Кадырова Д.А.

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

Несмотря на безусловные достижения современной гинекологии, проблема повышения эффективности лечения гинекологических больных, по-прежнему, остается крайне актуальной. Если оставить в стороне вопросы ранней диагностики, которая в значительно степени определяет результат лечения, одним из препятствий в достижении желаемого эффекта является развитие лекарственной устойчивости, что является причиной неэффективного лечения. В полной мере это относится и к лечению различных форм миом матки, которые занимают одну из ведущих позиций в структуре болезней репродуктивных органов женщин. Существующая в настоящее время гормональная терапия миомы матки имеет ряд существенных недостатков. После прекращения гормонального лечения у большинства пациенток происходит рецидив клинической симптоматики. Необходимо отметить выраженность

побочных эффектов, устойчивость миоматозных клеток к препаратам и большое число противопоказаний к гормональной терапии. Причиной развития резистентности является активация выброса лекарственных препаратов из опухолевых клеток, что приводит к снижению их внутриклеточного содержания и как результат — к неэффективности проводимой терапии. Процесс осуществляется транспортными белками, так называемыми ABC-транспортерами, которые функционируют за счет энергии АТФ. Одним из основных транспортных белков является Р-гликопротеин, который является продуктом экспрессии гена MDR1. Экспрессия Р-гликопротеина или кодирующего его гена в ряде случаев коррелирует с эффективностью лечения и прогнозом заболевания (2)

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

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

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

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

КОЛИЧЕСТВЕННЫЕ ИЗМЕНЕНИЯ ВНЕКЛЕТОЧНОЙ ДНК ПРИ МОНИТОРИНГЕ ЛЕЧЕНИЯ МИОМ МАТКИ

Исанбаева Л.М., Кадырова Д.А.

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

Миома матки - это доброкачественная опухоль, растущая из незрелых миодитов сосудистой стенки матки. Данная патология занимает первое место среди доброкачественных опухолей половых органов, при этом каждая десятая гинекологическая больная страдает миомой матки. Вопрос лечения миомы матки на сегодняшний день является наиболее трудным и дискуссионным. Выбор метода лечения определяется множеством факторов - особенностями патогенеза, формой и темпом роста опухоли, возрастом, отсутствием или наличием детей у женщины и т.д. Задачей терапии является удаление опухоли (хирургическое лечение) либо торможение опухолевого роста и регресс новообразования (консервативное лечение). Установлено, что небольшие количества ДНК обнаруживаются и вне клеток, прежде всего в плазме крови человека. Возможность использования вкДНК в медицине обусловлена изменениями ее концентрации, изменениями в структуре и размерах молекул вкДНК плазмы крови, появлением различных мутаций. Интерес к вкДНК неизмеримо возрос после того, как выяснилось, что количество ее может существенно возрастать при ряде заболеваний, что возможно учитывать как ранний признак соответствующих патологий.

Цель данной работы: Изучение зависимости эффективности лечения больных с миомами матки от концентрации внеклеточной ДНК.

В качестве материала использовали кровь женщин с различными миомами матки. Кровь в объеме 1 мл брали с помощью катетера из локтевой вены в вакуумные пробирки с 0,5 М ЭДТА. Наибольший интерес вызывает именно динамика изменения содержания вкДНК, а не единичное значение их концентрации в крови. С целью определения информативности количественных и качественных изменений вкДНК для оценки эффективности лечения был проведен сравнительный анализ. По изменению концентрации вкДНК в ходе лечения можно сделать заключение об эффективности лечения. Было исследовано 40 образцов крови женщин разного возраста. Было обследовано 30 пациенток разной возрастной категории с различными формами миом матки. Пациентки были разделены на 3 группы: 1 - простая миома матки (8 пациенток); 2 - прогрессирующая (быстрорастущая) миома матки (10 пациенток); 3 – симптомная миома - нарушение менструального цикла, симптом кровотечения (12 пациенток). В качестве контроля - здоровые доноры (10 доноров); Из образцов плазмы периферической крови женщин с миомами матки была выделена вкДНК. Концентрацию вкДНК определяли спектрофотометрически и методом ПЦР в режиме реального времени, т.к. считается, что использование данного метода дает более точные результаты. Для определения эффективности лечения больных с миомами матки был проведен сравнительный анализ концентрации вкДНК в плазме крови больных в динамике. Было показано, что повышение концентрации вкДНК ассоциируется с эффективностью лечения и

неблагоприятным исходом, что свидетельствует о потенциальной значимости вкДНК как биомаркера прогноза клинического течения заболевания. После проведения консервативного лечения у некоторых больных с миомами наблюдалось снижение концентрации вкДНК, что говорит об эффективности проводимого лечения.

Таким образом, показано, что анализ концентрации вкДНК плазмы крови больных с миомами матки можно использовать в качестве биомаркера эффективности проведенного лечения при наблюдении больных в динамике и ранней диагностики

ПРОДУКТЫ РЕАКЦИИ МАЙЯРА В РИЗОСФЕРЕ ХЛОПЧАТНИКА

Имамходжаева А.С., Мавлонов Г.Т., Убайдуллаева Х.А., Адылова А.Т.

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

Известно, что плодородие почв наряду с ее физико-химическими свойствами (минеральный состав, механические характеристики, влагоемкость и т.д.) определяется наличием органических веществ, относящихся к различным классам. Основная масса «почвенной органики» состоит из конденсированных полифенолов (гуминовая и фульвовая кислоты) главным образом растительного происхождения, хотя в их образовании активно участвуют и почвенные микроорганизмы. Растения влияют на химический состав своей ризосферы своими корневыми выделениями путем как пассивной диффузии, так и секреции различных классов продуктов жизнедеятельности. Корневые выделения назначены для изменения ризосферы для оптимальной жизнедеятельности растения. Компоненты экссудата способны активно взаимодействовать как между собой, так и с веществами в почве.

Продукты конденсации низкомолекулярных соединений, содержащих аминокислотную группу с альдегидной группой моносахаридов, исследованные еще в начале 20-го века Майяром (Louis Camille Maillard) подробно характеризованы как вкусовые пищевые добавки. Основания Шиффа как первичный продукт реакции Майяра и продукты их превращений широко исследованы, в частности показано их негативное значение при метаболическом синдроме, почечной недостаточности. Физиологическое значение продуктов реакции Майяра для растений изучено недостаточно.

Растения хлопчатника (*G. hirsutum*, сорт АН-Баявут 2) выращивали методом гидропоники с использованием в качестве заменителей почвы вермикулит, перлит, измельченную рисовую шелуху. Горшечную культуру хлопчатника поливали разбавленной 1:10 средой Мурасиге-Скуг, обеспечивая циркуляцию жидкой среды с помощью перистальтического насоса. Состав корневых экссудатов контролировали в зависимости от фаз развития растения (фазы: семядольных листьев, настоящие листья I и II яруса). Определение моносахаридов, сахарозы и органических кислот проводили высоко эффективной жидкостной хроматографией (ВЭЖХ) на обращенно-фазной колонке с применением рефрактометрического детектора, свободные аминокислоты определяли в виде о-фталат производных с помощью ВЭЖХ с флуорометрическим детектором. Количественное определение продуктов

реакции Майяра – меланоидинов проводили спектрофотометрически по поглощению при 530 нм после их осаждения из аликвоты среды гидропоники 4 объемами ацетона.

Как показали наши результаты в фазе семядольных листьев в корневых выделениях обнаруживаются органические кислоты: щавелевая, лимонная и изолимонная кислоты (в молярном соотношении 4:1:0.2), свободные аминокислоты (с преобладанием Arg, Lys, Gly), основные пептиды – фрагменты вицилина, а также в следовых количествах глюкоза и ксилоза. В фазе настоящих листьев экскреция органических кислот уменьшается, изменяется их соотношение и появляется янтарная кислота, в эту же фазу увеличивается концентрация свободных аминокислот и белков в экссудате. Уверенно определяемые количества меланоидинов выявлены в более поздние фазы (II и III настоящих листьев). Общее содержание продуктов реакции Майяра, в единицах аддукта глюкозы и глицина (смесь основания Шиффа и продукта перегруппировки Амадори) в контрольной почве составлял 320 ± 10 мг/растение (фаза III настоящих листьев), тогда как в случае использования заменителей почвы 225 ± 10 , 180 ± 7 и 19 ± 2 мг/растение соответственно для вермикулита, перлита и рисовой шелухи. Различный выход меланоидинов может быть объяснен минеральным составом использованных для горшечной культуры заменителей почвы, особенно Fe^{2+}/Fe^{3+} и Cu^{2+} которые катализируют низкотемпературные реакции Майяра.

Продукты реакции Майяра-Амадори описаны как эффективные факторы против окислительного стресса для корней растений, а также являются фактором, стимулирующим рост и развитие полезной ризосферной микрофлоры. В связи с вышеуказанным количество меланоидинов в экссудате корней может служить важным критерием для оценки выживаемости и продуктивности растений в конкретных почвенных условиях. Для физиологических экспериментов по изучению корневых экссудатов наиболее естественной заменой почвы является вермикулит.

ЗНАЧЕНИЕ ПОЛИМОРФИЗМА ГЕНА MDR1, КОДИРУЮЩЕГО Р-ГЛИКОПРОТЕИН ДЛЯ ИНДИВИДУАЛИЗАЦИИ ХИМИОТЕРАПИИ ПРИ РАКЕ МОЛОЧНОЙ ЖЕЛЕЗЫ

Кадырова Д.А., Авезов Н.Ш., Исанбаева Л.М.

Институт биоорганической химии Академии наук Республики Узбекистан,
100125, Республика Узбекистан, г.Ташкент, ул. Мирзо-Улугбека 83

d.kadyrova1949@mail.ru

Рак молочной железы (РМЖ) – одно из самых распространенных онкологических заболеваний у женщин. Статистические данные последних лет свидетельствуют о неуклонном, интенсивном росте заболеваемости и смертности от РМЖ, несмотря на значительный прогресс в лечении заболевания. Лечение данной категории больных остается одной из наиболее сложных задач современной онкологии. Основной причиной неэффективности химиотерапии опухоли считают формирование под действием лекарственных средств фенотипа адаптивной множественной лекарственной устойчивости (МЛУ). МЛУ обусловлена повышением экспрессии генов ABC-транспортеров выбрасывающих широкий

спектр химиопрепаратов из опухолевых клеток против градиента концентрации с затратой энергии АТФ. Семейство ABC-транспортеров (ATP-Binding Cassette), насчитывает более 50 представителей и наиболее клинически значимым среди них является ген ABCB1 или MDR1. Доминирующим фактором развития такой устойчивости является повышенная транскрипционная активность гена MDR1, кодирующего трансмембранный белок - P-гликопротеин.

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

В качестве объекта для исследований были использованы образцы биопсийного материала и кровь пациенток с диагнозом РМЖ (70 больных), до лечения и после 2 курсов неoadьювантной химиотерапии (НАХТ). Возраст больных находился в пределах 30 - 76 лет. Диагноз РМЖ у всех больных был морфологически верифицирован. У большинства пациенток была сохранена менструальная функция. В качестве контроля была использована кровь здоровых доноров – добровольцев (12 доноров). Всем больным была назначена НАХТ по стандартной схеме FAC, которая содержала циклофосфан, 5-фторурацил, доксорубин. Основной целью НАХТ является уменьшение объема первичной опухоли (вплоть до полной элиминации).

Проведено определение генотипов онкологических больных, чувствительных к химиотерапии. Методом ПЦР была проведена амплификация ДНК, выделенной из лейкоцитов периферической крови пациенток при РМЖ и здоровых доноров в присутствии полиморфного маркера С3435Т гена MDR1. Полиморфный маркер С3435Т гена MDR1, представляющий собой замену в нуклеотидной последовательности в положении 3435 цитозина на тимин, является наиболее клинически информативным. Генотипы определяли по критерию присутствия сайта рестрикции. Были выявлены генотипы ТТ – устойчивый, СТ – среднеустойчивый и СС – чувствительный к действию лекарственных препаратов. Результаты генотипирования показали разные варианты генотипов в данной группе больных. Было показано, что у носителей ТТ - генотипа отмечается нарушение экспрессии гена MDR1 на уровне транскрипции, что приводит к повышению активности гликопротеина-P и быстрому выведению лекарственных средств из организма. В результате, у носителей ТТ - генотипа вероятно значительное уменьшение концентрации лекарственных средств в крови, что, в свою очередь, приводит к развитию нежелательных лекарственных реакций, побочных явлений и снижению эффекта лечения. Выявление генотипа ТТ по полиморфному маркеру С3435Т гена MDR1 позволяет прогнозировать рецидив заболевания и наличие отдаленных метастазов.

Таким образом, генетический полиморфизм, обусловленный маркером С3435Т, может быть важным фактором, определяющим как предрасположенность к онкологическим заболеваниям, так и устойчивость к лекарственной терапии. Выявление генетических особенностей у пациентов по полиморфному маркеру С3435Т гена MDR1 позволяет прогнозировать характер фармакологического ответа, что дает возможность повысить эффективность и безопасность применения ЛС

МЕТОДЫ РЕДАКТИРОВАНИЯ ГЕНОМОВ

Камбурова В.С., Никитина Е.В., Назарова Е.Ф., Абдурахмонов И.Ю.

Центр геномики и биоинформатики АН РУз
111215, Ташкентская обл., Кибрайский район, ул. Университетская, д. 2
venera_k75@mail.ru

С момента появления в 1972 г. технологии рекомбинатных ДНК в лаборатории Берга генетическая инженерия достигла колоссальных успехов, были открыты и детально изучены молекулярно-генетические механизмы и явления, которые теперь можно воспроизводить *in vitro*. Исследования в области молекулярной генетики и биохимии бактерий и вирусов позволили разработать методы манипуляции с ДНК, создать различные векторные системы и способы их доставки в клетку. Все это позволило получить не только трансгенные микроорганизмы, но и генетически модифицированные растения. Бурное развитие получила прикладная область генной инженерии, дав толчок прогрессу в селекции и биотехнологии. Однако традиционная стратегия генной инженерии имеет ряд недостатков и ограничений, одно из которых – сложность манипуляции с большими геномами высших растений.

В настоящий момент в распоряжении ученых появилось несколько инструментов, которые позволяют решать задачи высокоточного редактирования генома растений. Еще в 1996 году было впервые показано, что белковый домен типа «цинковые пальцы», соединенный с FokI-эндонуклеазным доменом, действует как сайт-специфическая нуклеаза, разрезая ДНК *in vitro* в строго определенных участках. Такой химерный белок имеет модульную структуру, поскольку каждый домен «цинковые пальцы» (Zinc-finger nuclease, ZFN) узнает один триплет нуклеотидов. Этот метод стал основой редактирования культивируемых клеток, включая модельные и немодельные растения. Однако технология, основанная на ZFN, имеет ряд недостатков, включая сложность и высокую стоимость конструирования белковых доменов для каждого конкретного локуса генома, вероятность неточного разрезания ДНК-мишени по причине однонуклеотидных замен или неправильного взаимодействия между доменами. Поэтому продолжались активные поиски новых методов редактирования генома. В последние годы эти поиски привели к созданию новых инструментов редактирования геномов – системы TALEN (Transcription Activator-Like Effector Nucleases; эффекторные нуклеазы, подобные активаторам транскрипции) и CRISPR/Cas (Clustered Regulatory Interspaced Short Palindromic Repeats; короткие палиндромные повторы, расположенные группами, равномерно удаленными друг от друга). Эти системы отличаются относительной простотой конструирования и высокой эффективностью работы в клетках человека, животных и растений.

Такие системы, активно применяемые для различных манипуляций с геномами, позволяют решать сложные задачи, включая получение мутантных и трансгенных растений. При этом системы редактирования генома используются для введения точечных мутаций, сходных с естественными однонуклеотидными полиморфизмами, для встраивания в строго определенные места новых генов либо, наоборот, удаления крупных участков нуклеотидных последовательностей, для исправления или замены отдельных генетических элементов и фрагментов генов,

для пирамидирования генов, а также нокаута генов, репрессии/активации экспрессии генов и эпигеномного редактирования.

При этом технологии редактирования геномов позволяют решать одну из важнейших задач современной биотехнологии – создание новых сортов сельскохозяйственных культур, которые являются высокоурожайными и устойчивыми к абиотическим и биотическим стрессам, а также обладают повышенной питательной ценностью.

Таким образом, технологии редактирования геномов становятся популярным молекулярным инструментом геномной инженерии и обеспечивают беспрецедентное понимание биологии растений, а также и позволяют улучшить урожаи путем быстрой и высокоточной мутационной селекции.

ОЦЕНКА БЕЗОПАСНОСТИ ПРИМЕНЕНИЯ СИСТЕМ РЕДАКТИРОВАНИЯ ГЕНОМА

Камбурова В.С., Никитина Е.В., Назарова Е.Ф., Абдурахмонов И.Ю.

Центр геномики и биоинформатики АН РУз
111215, Ташкентская обл., Кибрайский район, ул. Университетская, д. 2
venera_k75@mail.ru

Новейшие системы редактирования геномов позволяют вводить стабильно наследуемые точечные модификации в геном растения и трансгенный регион может быть легко удален после редактирования целевого гена, что позволяет получать нетрансгенные растения при улучшении сортов сельскохозяйственных культур. Растения, разработанные при помощи технологий редактирования генома, идентичны растениям, полученным при использовании классической селекции, и их безопасность должна оцениваться с учетом полученного конечного продукта, а не процесса создания.

Однако, несмотря на то, что технологии редактирования геномов рассматриваются как наиболее безопасные, применение этих методов при создании сельскохозяйственных культур также имеет потенциальные риски, связанные с их безопасностью. При этом основной проблемой применения этих технологий с точки зрения безопасности является наличие нецелевых эффектов синтетических нуклеаз при редактировании геномов.

Нецелевые эффекты при использовании систем редактирования генома зависят от эффективности и специфичности сконструированных нуклеаз и тесно связаны с выбором целевого участка. Для каждого эндогенного геномного локуса эффективность расщепления ДНК, как целевого, так и нецелевого, зависит не только от внутренней нуклеазной активности (таких как FokI домены и Cas9 белки), но и доступности целевого участка и аффинности ДНК-связывающего домена (например, TAL эффекторных доменов и gRNA) к целевой последовательности. Специфичность сконструированных нуклеаз в значительной степени зависит от аффинности связывания нуклеаза-ДНК, в том числе связывание цинковых пальцев с ДНК (ZFNs), TAL эффектора с ДНК (TALENs) и гибридизации gRNA с ДНК (CRISPR), хотя димеризация FokI домена (ZFNs и TALENs) и взаимодействие Cas9 с мотивом, прилегающим к протоспейсеру (PAM), также могут играть важную роль

Для минимизации нецелевых эффектов химерных белков ZFN и TALENS важным моментом является тщательный подбор сайтов для специфичного внесения двухцепочечного разрыва с использованием методов предварительного биоинформатического анализа. При выборе нужных сайтов следует избегать участков повторенных последовательностей, а также участков, имеющих высокую гомологию с другими районами генома. Кроме того, использование ортологов Cas9, для активности которых необходимы мотивы, прилежащие к протоспейсеру с более сложной консенсусной последовательностью, позволяет снизить нецелевые эффекты для метода CRISPR. Также уменьшения нецелевых эффектов можно добиться за счет повышения специфичности редактирования генома. Так, например, использование двух нуклеаз Cas9 с парой sgRNA значительно уменьшает риск возникновения нецелевых мутаций.

Однако, несмотря на существующие проблемы, растения, полученные с использованием методов редактирования генома, в настоящее время считаются нетрансгенными и к ним неприменимы правила, регулирующие оценку безопасности ГМО, что создает новые проблемы для регулирования и общественного признания генетически отредактированных культур. В настоящее время эти технологии обсуждаются различными консультативными и регулирующими органами в свете законодательства по ГМО и классификации генетически отредактированных культур, полученных с использованием методов редактирования генома, как не являющихся генно-модифицированными. При этом USDA показало, что генно-отредактированные растения не будут рассматриваться как ГМО, однако, Европейская комиссия, как ожидается, опубликует в ближайшее время доклад о нормативной неопределенности таких растений.

СОСТОЯНИЕ И ПЕРСПЕКТИВЫ МОЛЕКУЛЯРНОЙ МЕДИЦИНЫ И КЛЕТОЧНЫХ ТЕХНОЛОГИЙ В УЗБЕКИСТАНЕ

Каримов Х.Я., Бобоев К.Т.

Министерство Здравоохранения Республики Узбекистан
НИИ Гематологии и Переливания Крови.
Г. Ташкент, Чиланзарский район, ул. Бунёдкор д. 42-а.,
info.niigem@minzdrav.uz

Конец XX и начало XXI века в области медико-биологических наук ознаменовался тремя революционными событиями – расшифровка генома человека, получение первой линии эмбриональных стволовых клеток и обнаружение соматических стволовых клеток. Подобные эпохальные достижения явились мощным стимулом для формирования и развития новых направлений в медицине – молекулярной медицины и клеточных технологий.

В Узбекистане также можно констатировать наличие определенной тенденции к технологическому прогрессу в этой быстро развивающейся области медицины. В 2012 г. на базе НИИ гематологии и переливания крови МЗ РУз создан отдел молекулярной медицины и клеточных технологий, в составе которого были образованы лаборатории иммунофенотипирования, цитогенетики, молекулярной генетики и центр по пересадке стволовых клеток. Более 30 сотрудников отдела прошли длительные курсы стажировки и переподготовки в ведущих

аккредитованных Центрах Турции, Германии, Чехии, России, Японии и т.д. К настоящему времени освоены все базовые методы молекулярной медицины и клеточных технологий и внедрены в клиническую практику института уникальные высокотехнологичные методы обследования, такие как – флуоцитометрия, цитогенетика, ПЦР, ПЦР в режиме реального времени, секвенирование и биочип-диагностика (микрочипирование, инструмент одновременного исследования нескольких «горячих» хромосомных транслокаций или генетических мутаций).

Благодаря этим мероприятиям в клиническую практику успешно внедрено комплексное 4-х уровневое обследование лейкемии по международной шкале IS, основанное на использовании методов иммунофенотипирования CD-клеток, исследования хромосомных транслокаций (согласно рекомендациям ВОЗ и в качестве «золотого стандарта») и генных мутаций. Диагностическая и прогностическая эффективность данной технологии в формате международной шкалы IS достигает до 99,9% (ВОЗ, 2009, 2013). Со времени организации отдела было выполнено свыше 7500 молекулярно-биологических исследований. Разработаны диагностические и прогностические протоколы более чем для 20 нозологических форм онкогематологических, генетических и мультифакторных заболеваний. Список патологий, для которых в отделе проводится молекулярная диагностика, неуклонно растет.

Кроме этого, создана технологическая база для внедрения новейших методов клеточных технологий, благодаря которым стало возможным внедрение в клиническую практику 2-х высокотехнологичных способов лечения онкогематологических патологий. Одним из данных направлений является лечение лекарственными препаратами, избирательно влияющими на конкретные генные мутации – молекулярно-таргетная терапия. Молекулярно-таргетная терапия является революционным прорывом в области целенаправленной противоопухолевой терапии некоторых видов лейкоза. Известно, что в основе развития хронического миелоидного лейкоза (ХМЛ) лежит реципрокная транслокация между хромосомами 9 и 22 $t(9;22)q34;q11$) в результате чего, образуется Ph- хромосома и химерный онкоген BCR-ABL (онкобелок p210). К настоящему времени у 950 больных с ХМЛ успешно проводятся высокотехнологичная таргетная терапия с применением противораковых препаратов «Гливек» и «Тасигна» фирмы «Новартис Фарма» (Швейцария) исключительно у больных с Ph-позитивным ХМЛ (с наличием химерного онкогена BCR-ABL p210). При этом, молекулярный мониторинг эффективности вышеуказанных препаратов проводится путем изучения экспрессии химерного онкогена BCR/ABL p210 по протоколу Национальной онкологической сети (NCCN 2009) и в соответствии с рекомендациями ВОЗ (2009, 2013).

Еще одним перспективным, современным направлением терапии онкогематологических заболеваний является лечение больных собственными гемопоэтическими стволовыми клетками (аутотрансплантация, клеточная терапия). Одним из существенных достижений, осуществленных благодаря реформам в сфере здравоохранения республики Узбекистан, явилось открытие на базе отдела молекулярной медицины и клеточной технологии Центра по лечению гемопоэтическими стволовыми клетками (Приказ МЗ РУз №47 от 14 февраля 2014 г.). Более 200 больным миеломной болезнью проведено лечение, согласно общепринятым протоколам, стандартной полихимиотерапией, а 23 пациентам с миеломной болезнью и 2 – с лимфомой удалось успешно произвести

высокотехнологичную терапию собственными стволовыми клетками (ВОЗ 2009, NCCN-2009).

К настоящему времени, приоритетными направлениями отдела являются:

- ранняя диагностика и мониторинг лечения гемобластозов, рака молочной железы и рака шейки матки;
- диагностика и пренатальная ДНК-диагностика тяжелых моногенных патологий (гемофилия А и Б, миопатия Дюшена и Беккера и бета-талассемия и т.д.);
- генетическое прогнозирование риска развития мультифакториальных заболеваний (наследственной тромбофилии, остеопороза, атопического ринита и дерматита, сердечно-сосудистых заболеваний, ишемического инсульта, различных акушерских патологий, некоторых стоматологических патологий и т.д.);
- молекулярная диагностика врожденных пороков развития;
- трансплантация гемопоэтических стволовых клеток;
- персонализированный подход к лечению различных патологий (персонализированная медицина), т.е., изучаются популяционные особенности ключевых генов, участвующих в трех фазах биотрансформации ксенобиотиков (гены ферментов цитохромов, глутатион-S-трансфераз и Р-гликопротеина).

В заключение необходимо отметить, что в последние годы молекулярная медицина и клеточная технология развиваются стремительно. В развитых странах мира основные результаты этого революционного прорыва уже внедряются в клиническую медицину, что в перспективе будет приносить свои плоды – рождением генетически здорового потомства, значительным снижением уровня смертности от заболеваний, которые считаются неизлечимыми и самое главное, сохранением здорового генофонда населения.

ИССЛЕДОВАНИЕ СПЕЦИФИЧЕСКИХ ХИМЕРНЫХ ОНКОГЕНОВ ОПУХОЛЕВЫХ КРОВЕТВОРНЫХ КЛЕТОК НА ОСНОВЕ ТЕХНОЛОГИИ БИОЛОГИЧЕСКИХ МИКРОЧИПОВ

Каримов Х.Я., Курганов С.К., Бобоев К.Т., Алимов Т.Р.

Министерство Здравоохранения Республики Узбекистан
НИИ Гематологии и Переливания Крови.
Ташкент, Чиланзарский район, ул. Бунёдкор д. 42-а.,
info.niigem@minzdrav.uz

Поиск новых диагностических и прогностических маркеров и дальнейшее совершенствование диагностических методов является важным направлениями повышения эффективности диагностики и мониторинга терапии лейкемии. В НИИГиПК МЗ РУз впервые в республике внедряется новая технология биологического микрочипирования определенных хромосомных транслокаций и химерных онкогенов в опухолевых кроветворных клетках. Чувствительность данной технологии составляет 1:1000 (1 опухолевую клетку среди 1000 нормальных клеток), специфичность анализа составляет не менее 95%.

Цель: Оценить эффективность технологии биологического микрочипа для диагностики ОЛ в Узбекистане.

Материалы и методы. Материалом исследования явились 10 больных с клинически установленным диагнозом ОЛ, наблюдавшихся в гематологическом

отделении НИИ гематологии и переливания крови МЗ РУз. Предварительный диагноз ОЛ установлен на основании данных клинико-лабораторных (морфологического и цитохимического) исследований крови и костного мозга. Для проведения апробации технологии микрочипирования нами был выбран набор «ЛК-биочип», состоящий из 13 наиболее значимых химерных онкогенов при остром лимфобластном лейкозе (ОЛЛ): t(12;21) ETV6-RUNX1, t(1;19) TCF3-PBX1, t(9;22) BCR-ABL1, t(4;11) MLL-AF4, и при остром миелобластном лейкозе (ОМЛ): t(15;17) PML-RARA, t(8;21) RUNX1-RUNX1T1, inv(16) CBFB-MYH11, t(9;11) MLL-MLLT3, t(10;11) MLL-MLLT10.

Анализ хромосомных транслокаций и генных мутаций опухолевых клеток на биочипе включал следующие этапы: изоляция ДНК из лейкоцитов периферической крови больных, проведение двухэтапной «гнездной» (nested) ПЦР; введение флуоресцентной метки в продукт ПЦР второго этапа с помощью флуоресцентно-меченных праймеров; гибридизация меченного продукта ПЦР на биочипе; анализ изображения на приборе с программным обеспечением Imageware.

Результаты. Из 10 больных у трех, были выявлены различные мутации, что позволило генетически точно верифицировать диагноз ОЛ. У одного больного были выявлены структурные перестройки гена AML/ETO приводящие к хромосомным транслокациям t(8;21). Необходимо подчеркнуть, что данный химерный ген, сам по себе, не способен вызвать лейкоз, поэтому для полного подтверждения диагноза необходимо исследовать дополнительные (вторичные) мутации. У второго больного были выявлены структурные перестройки гена MLL/AF10 приводящие к хромосомной транслокации t(10;11), наличие которой приводит к появлению онкопротеина UPN9610I. У третьего больного были выявлены структурные перестройки гена BCR/ABL e1a2, приводящие к хромосомной транслокации t(9;22), являющейся причиной появления онкобелка p190. Результаты анализа на биологическом микрочипе проверили путем исследования химерного онкогена t(9;22) BCR/ABL p190 в ПЦР режиме «реального времени» на наборах АмплиСенс Лейкоз Квант M-bcr-FRT (референс-метод). При этом, результаты тестирования контрольных и диагностических образцов показали полное совпадение.

Все остальные образцы, по видимому, содержали другие соматические мутации и они будут идентифицироваться с помощью других молекулярных методов (ПЦР, FISH иммунофенотипирование, секвенирование и т.д.).

Вывод. Применение микрочипирования с использованием набора «ЛК-биочип» является наиболее высокопродуктивной технологией исследования специфических химерных онкогенов опухолевых кроветворных клеток, заметно сокращающей время анализа, по сравнению с другими методами (ПЦР, ПЦР в режиме реального времени, секвенирование и т.д.), снижающей его себестоимость, и, самое главное, позволяющей, одновременно, анализировать не менее 13-ти «горячих» химерных онкогенов среди больных ОЛ.

ГЕНОМНЫЙ И МЕТАБОЛОМНЫЙ АНАЛИЗ КАРДИОМЕТАБОЛИЧЕСКИХ НАРУШЕНИЙ В КАЗАХСКОЙ ПОПУЛЯЦИИ

Кожамкулов У.А.¹, Каиров У.Е.¹, Молкенов А.¹, Абилямжинова А.Т.¹, Ахметова А.Ж.¹, Joseph Lee², Акильжанова А.Р.¹

¹Центр Наук о жизни, National Laboratory Astana, Назарбаев Университет
010000, Казахстан, г.Астана, Кабанбай батыра, 53 ulan.kozhamkulov@nu.edu.kz

²Columbia University, USA, New York jhl2@cumc.columbia.edu

Введение. Эпидемический рост ожирения, артериальной гипертензии и диабета 2 типа являются причинами роста смертности во всем мире. Также отмечается взаимосвязь всех этих заболеваний с развитием сердечно-сосудистых заболеваний. При этом, влияние этих состояний может значительно отличаться среди различных популяций. Для решения этих вопросов, мы предлагаем изучить геномный вклад в формирование метаболома на основе секвенирования лиц казахской национальности и дальнейшего изучения их метаболома.

Цель исследований: Оценка метаболических различий среди взрослого населения, проживающего на территории Казахстана для выявления и характеристики метаболических профилей и определение генетических вариантов, ассоциированных с метаболическими профилями высокого риска развития диабета и прогрессирования кардиометаболических заболеваний.

Материалы и методы. Для достижения данной цели вначале было проведено секвенирование 60 человек казахской национальности (7 – полных геномов и 53 - полных экзона с использованием технологии секвенирования нового поколения (NGS) HiSeq2000, Illumina. Для этих же участников исследования, мы провели анализ метаболома. Метаболомные исследования плазмы крови проводились в компании Метаболом, США.

Результаты. Проведена характеристика генетических вариантов, ассоциированных с гипертонией, ожирением и диабетом; при помощи сравнения геномных данных 60 образцов с базой данных T-HOD (The Text-mined Hypertension, Obesity and Diabetes candidate gene database (T-HOD) <http://bws.iis.sinica.edu.tw/THOD>. База данных генов-кандидатов гипертонии, ожирения и диабета (T-HOD) разработана, чтобы помочь в исследованиях трех видов заболеваний: гипертонии, ожирения и диабета, с регулярным и полуавтоматическим извлечением, связанных генов из недавно опубликованной литературы. Выявлены генетические варианты, показавшие ассоциацию с развитием данных состояний по обоим предикторам патогенности мутаций PP2 и SIFT - 7 SNP в генах rs4684677 GHRL, rs1801133 MTHFR, rs1799971 OPRM1, rs1058808 ERBB2, rs6265 BDNF, rs738409 PNPLA3, rs1801394 MTRR.

В результате метаболомного анализа 60 участников исследования определено 692 различных биохимических показателя основных путей метаболизма аминокислот, пептидов, нуклеотидов, углеводов, кофакторов и витаминов, ксенобиотиков, липидного и энергетического обмена. Обнаружены изменения нескольких известных метаболитов и различных предполагаемых метаболических путей у группы старше 45 лет по сравнению с группой молодых лиц. Метаболические различия включали изменения метаболитов, связанных с обменом жирных кислот, стероидогенезом (биосинтез стероидных гормонов), вторичным

метаболизмом карнитина, микробиомом кишечника, с процессами воспаления и оксидативного стресса.

Выводы. Комбинирование геномного и метаболомного подходов основывается на результатах секвенирования полного генома и полного экзостаза казахов, но и расширяет наше понимание функциональной роли влияния этих вариантов на эндотипы (метаболом), которые отражают биологические или физиологические процессы организма. В дальнейшем, будут использованы данные анализа метаболома для определения, генетических вариантов, изменяющих уровень метаболитов в клеточной системе, тем самым расширяя геномику в область функциональной геномики для более глубокого понимания потенциальной патофизиологии кардиометаболических нарушений в казахской популяции.

ЎРТА ТОЛАЛИ ҒЎЗА НАВЛАРИ ТОЛА СИФАТ КЎРСАТКИЧЛАРИНИ МАС ТЕХНОЛОГИЯСИ ЁРДАМИДА ЯХШИЛАШ

Кушанов Ф.Н., Дарманов М.М., Макамов А.Х., Тўраев О.С., Хусенов Н.Н.,
Маткаримов М.Ў., Туланов А.А., Абдурахмонов И.Ю.

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

Бутун дунё ғўза селекцияси дастурларининг асосий мақсадларидан бири ўрта толали ғўза (*G.hirsutum* L.) навларига тола сифатини ингичка толали ғўзанинг (*G.barbadense* L.) тола сифатига яқинлаштиришдан иборат. Бунинг замирида мамлакат иқтисодиётига катта фойда келтириш ётади. Турлараро дурагайлаш орқали ўрта толали ғўзада тола сифатини яхшилаш анчагина мураккаб ҳисобланиб, бунинг сабаби дурагай авлодларда кенг генетик сегрегация ва генетик ўзаро боғлиқликларнинг бузилиши каби салбий ҳодисалар кузатилади. Бу каби генетик барьерларни бартараф қилишда геномика ва биотехнологиянинг замонавий усуллари ёрдамида ўрта толали ғўза гермоплазмаси ресурсларини тадқиқ қилиш, яъни уларнинг генетик потенциалидан самарали фойдаланиш муҳим аҳамият касб этади.

Селекция соҳасида бурилиш ясовчи Маркерларга асосланган селекция (МАС) технологияси Ўзбекистонда илк бор марказ олимлари томонидан ғўза экинига тадқиқ қилиниши натижасида тола сифат кўрсаткичлари такомиллаштирилган бир нечта нав ва линиялар яратилди. Ушбу тадқиқотда кўзланган асосий мақсад тола сифат кўрсаткичлари юқори бўлган янги навларни яратишда МАС технологиясининг ролини кўрсатиб беришдан иборат.

Тадқиқот ишлари учун мамлакатимиз пахта майдонларида экиб келинаётган ва толаси V-типа мансуб бўлган Султон нави (реципиент сифатида) ҳамда геномида тола узунлиги ва пишиқлигини бошқарувчи QTL (ингл. Quantitative Trait Loci) аллели мавжуд бўлган Л-141 линияси (донор сифатида) танлаб олинди. Тегишли ДНК-маркерларидан фойдаланиб селекция (ўзаро ва беккросс чатиштириш) жараёнлари олиб борилди. Ҳар бир беккросс авлод дурагайлари BNL1604 SSR (Simple sequence repeat) маркери ёрдамида ПЗР (полимераза занжирли реакцияси) ёрдамида молекуляр скрининг қилиниб, дурагайлар интрогрессия қилинган QTL-аллели асосида танлаб борилди. Жами 95 та иккинчи авлод беккросс (BC2F1)

дурагайларида ПЗР-скрининг ўтказилганда 42 та намунада тадқиқ қилинаётган QTL-аллели кузатилмади ва қолган 49 та дурагайда маркер аллели мавжуд эканлиги аниқланди. Тадқиқот намуналари тола сифати кўрсаткичлари HVI (High Volume Instrumentation) ускунасида таҳлил қилинди. Олинган HVI маълумотларига кўра BC2F1 дурагайларида тола узунлиги (UHM) – 1,18 дюйм, пишиқлиги (STR) – 33,9 гс/текс, микронейр (MIC) – 4,6, элонгация (ELO) – 7,0%, бирхиллилиги (Unf) 83.9% эканлиги кузатилди. Султон навида бу кўрсаткичлар қуйидагича эканлиги аниқланди; тола узунлиги – 1,07 дюйм, пишиқлиги – 31,0 гс/текс, микронейр – 5,3, элонгация – 6,3%, толанинг бирхиллилиги – 82,3%.

Хулоса ўрнида шуни айтиш мумкинки, олинган натижалар ДНК-маркерлар технологиясининг самарадорлигини яна бир бор исботлади. Ҳозирда тадқиқотлар BC3F1 дурагайларида олиб борилмоқда. Келгусида якка танлов асосида энг юқори кўрсаткичли намуналар танлаб олинади ва яратилган янги нав яқин йиллар ичида ишлаб чиқаришга жорий этилади.

ТАФАККУР НАВИ АЙРИМ ТОЛА СИФАТ БЕЛГИЛАРИДА МОЛЕКУЛЯР ВА СТАТИСТИК ТАҲЛИЛ

Кушанов Ф.Н., Тураев О.С., Дарманов М.М., Макамов А.Х.,
Ходжаева У.Ш., Орипова Б.Б., Ҳусенов Н.Н., Абдурахмонов И.Ю.

ЎЗР ФА, Геномика ва биоинформатика маркази
111215, Ўзбекистон, Тошкент вил., Қибрай тум., Университет кўч., 2-уй.
ozod.turaev@genomics.uz

ЎЗР ФА Геномика ва биоинформатика маркази олимлари томонидан МАС технологиясидан фойдаланиб ғўзанинг уяли ассоциатив карталаштириш (УАК) популяцияси таркибидаги Наманган-77 х L-N1 комбинацияси дурагайлари асосида янги, Тафаккур нави яратилган. Тадқиқот мақсади мазкур навнинг тола узунлиги ва пишиқлиги маркер белгиси устида молекуляр ҳамда сатистик таҳлил олиб боришдан иборат.

Тадқиқотлар Тафаккур навидан танлаб олинган 100 та якка танлов намуналари устида рандомизация (тасодикий) усулда жойлаштирилган учта такрорда олиб борилди. Ҳар бир такрорда назорат намуналар сифатида донор (L-N1) ва реципиент (Наманган-77) генотиплари, уларнинг F1 дурагайлари ҳамда, геномида тадқиқ қилинаётган маркер аллели мавжуд бўлмаган (ноль гибрид) намуналар жойлаштирилди. Тадқиқ қилинаётган барча намуналар тола узунлиги ва пишиқлиги белгилари билан генетик бириккан “BNL-1604” ДНК-маркери ёрдамида ПЗР скрининг қилинди. Молекуляр-генотипик таҳлил натажаларига кўра тадқиқ қилинаётган Тафаккур навининг барчасида маркер аллели бўйича гомозигота ҳолати кузатилди.

Тадқиқот намуналарининг тола сифат кўрсаткичлари “СИФАТ” марказида HVI (High Volume Instrument) ускунаси ёрдамида таҳлил қилинди. Таҳлил натижаларига кўра ўрганилаётган тола узунлиги ва пишиқлиги кўрсаткичлари ота-она генотипларида қуйидагича эканлиги аниқланди; Наманган-77 навида – тола узунлиги 1,05 дюйм ва пишиқлиги 25,1 гс/текс ҳамда L-N1 донор генотибида - 1,22 дюйм ва 41,7 гс/текс. Тадқиқ қилинаётган Тафаккур навидан танлаб олинган намуналарда толанинг узунлиги 1,21 дюйм ва пишиқлиги 38,4 гс/текс эканлиги

кузатилди. QTL-аллели мавжуд бўлмаган намуналарда, яъни ноль гибридларда эса ушбу кўрсаткичлар 1,10 дюйм ва 33,7 гс/тексни ташкил этди. Ўрганилаётган ҳар бир тола сифат параметрлари бўйича олинган маълумотлар генотипик маълумотлар билан таққосланиб таҳлил қилинди. Таҳлил натижаларига кўра Тафаккур навида маркер аллели ҳақиқатдан ҳам мазкур тола сифат белгиларининг яхшиланишига самарали таъсир ўтказганлигини кўриш мумкин.

Шунингдек, тадқиқот намуналарида ўрганилаётган белгилар ANOVA (ANalysis Of VAriance) дисперсион таҳлили ёрдамида ўтганили. Таҳлил натижасида толанинг пишиқлиги ва узунлиги параметрлари Тафаккур навида назорат намуналариникига нисбатан фарқи, яъни анча яхшиланганлиги статистик жиҳатдан тўғри эканлиги аниқланди.

Хулоса қилиб айтганда, ғўза селекциясига замонавий MAC технологиясини тадбиқ қилиш қисқа фурсатда қимматли хўжалик белгилари яхшиланган ҳамда текстил саноати учун муҳим ҳисобланадиган тола сифат кўрсаткичлари юқори бўлган янги навларни яратишда муҳим аҳамият касб этади.

ЎСИМЛИКЛАРДА SOS МЕТАБОЛИК ЙЎЛИНИНГ ШЎРГА ЧИДАМЛИЛИКДАГИ РОЛИ

Маматкулова Г.Ф., Эгамбердиев Ш.Ш., Муллахунов Б.Т., Раджапов Ф.С.

Центр Геномики и биоинформатики АН РУз
111215, Ташкентская обл., Кибрайский р-он, ул. Университетская, д. 2
info@genomics.uz

Ўсимликларда шўрга чидамлилик кўплаб генлар томонидан мураккаб генетик регулятор йўллар орқали бошқарилади. Шўрланиш ўсимликларда осмотик ва ион стресс келтириб чиқариб, ўсимликлар ўсишига салбий таъсир қилади. Тузнинг юқори концентрацияси тупроқда сув потенциаллини камайтиради, шу сабабли ўсимлик илдизи орқали сувнинг ўзлаштирилиши қийинлашади ва бу вақтда ўсимлик тўқималарида тузнинг аста-секин тўпланиши ионли стресс билан боғлиқ бўлади [1].

Шўр стрессга жавоб беришнинг асосий йўлларида бири бу хужайрада зарарли (токсик) натрий ионларининг тўпланишини чеклаш орқали ионлар гомеостазини назорат қилишдир [2]. Хужайрада ионлар гомеостазини назорат қилишда зарур ҳисобланган йўлларида бири бу SOS (*Salt Overly Sensitive*) метаболик йўли (pathway) дир. Юқори шўрланишли стресс кальций сигналинини кўзғатади бу эса SOS йўлининг фаоллашишига олиб келади. Цитозолдаги Ca^{2+} ионлари ўзгаришларини калций сенсори (SOS3) сезади ва SOS2 протеин киназа билан таъсирлашади. Бу SOS3-SOS2 протеин киназа комплекси Na^+/H^+ антипортер (SOS1) ни фосфориллайди, натижада ортиқча Na^+ ионлари чиқариб юборилади. Бу жараёндаги яна бир муҳим хусусиятлардан бири SOS3-SOS2 комплексининг фақатгина SOS каналиги таъсир қилиб қолмасдан балки, бошқа туз билан боғлиқ бўлган метаболик йўлларга ҳам таъсир қилиши ва натижада ионлар гомеостазини таъминлашда иштирок этишидир. SOS3-SOS2 комплекси НКТ (histidine kinase transporter) каналлари фаоллигини тўхтатади ва натижада Na^+ нинг цитозол ичига кириши тўхтатилади. SOS2 нинг яна муҳим томонларидан бири бу NHX каналларига (vacuolar Na/H exchanger) таъсир қилиб уларни фаоллаштиради, натижада вакуолага ортиқча Na^+ ионлари тўпланади. Шу орқали Na^+ ионлари гомеостазини таъминлашда ёрдам беради.

Геномика ва биоинформатика марказида *G.hirsutum* геномида шўрга чидамлилики таъминлашда иштирок этувчи SOS генларни аниқлаш учун биоинформатик дастурлар ёрдамида текширувлар ўтказилди. Текширувлар натижасига кўра *G.hirsutum* геномида SOS1, SOS2 ва SOS3 генларининг нуклеотид кетма кетликлари ва структуралари аниқланди. Бу генлар учун праймерлар яратилмоқда, келгусида бу генлар экспрессиясини арабидопсисда кўриш режалаштирилмоқда. Олиб борилаётган тадқиқотлардан мақсад келгусида шўрга чидамли ўсимликлар яратишдир.

Фойдаланилган адабиётлар.

1. Munns, R., and Tester, M. (2008). Mechanisms of salinity tolerance. *Annu. Rev. Plant. Biol.* 59, 651–681.
2. Tester, M., and Davenport, R. (2003). Na⁺ tolerance and Na⁺ transport in higher plants. *Ann. Bot.* 91, 503–527
3. Narendra Tuteja (2007). Mechanisms of High Salinity Tolerance in Plants. *Methods in Enzymology* DOI: 10.1016/S0076-6879(07)28024-3.

GOSSYPIMUM HIRSUTUM DA ШЎРГА ЧИДАМЛИЛИКНИ ТАЪМИНЛАШДА ИШТИРОК ЭТУВЧИ SOS1 ГЕНИНИ IN SILICO УСУЛИДА АНИҚЛАШ.

Маматкулова Г.Ф., Эгамбердиев Ш.Ш., Раджапов Ф.С., Муллахунов Б.Т.

Центр Геномики и биоинформатики АН РУз 111215,
Ўзбекистан, Ташкентская обл., Кибрайский р-он, ул. Университетская, д. 2
info@genomics.uz

Ер юзида шўрланган ерлар тахминан 1000 мга. атрофида бўлиб, бутун дунё умумий ер майдонларининг 9 % дан кўпроғига тўғри келади [3]. Ўзбекистонда эса шўрланган ерлар майдони 750 минг км² ни ташкил қилади. Республикаимизнинг умумий суғориладиган майдони 4,3 млн. гектар бўлса, шундан 55-60 % и шўр ерлар ҳисобланади [1].

Тупроқдаги тузлар, айниқса тез эрувчан тузлар қишлоқ хўжалик экинларининг ривожига жиддий зарар кўрсатиб, уларнинг ҳосилдорлигини кескин пасайтириб юбориши мумкин. Шўрланган тупроқларда натрий ионлари ўсимликлар учун зарарли бўлиб, уларнинг K⁺ озиқланишига, цитозолдаги ферментлар фаоллигига, фотосинтез ва метаболизмга салбий таъсир қилади [2]. Маълумки ўсимликларда шўрга чидамлилики таъминлашда бир қанча генлар иштирок этади. Ўсимликларда шўрга чидамлилики таъминлашда иштирок этувчи генлардан бири бу SOS1 (Salt Overly Sensitive 1) генидир. Бу ген биринчи марта Арабидопсис ўсимлигида аниқланган [2].

Хозирги вақтгача *Gossypium hirsutum* геномида шўрга чидамлилики таъминлашда иштирок этувчи SOS1 гени структураси аниқланмаган ва бу борада илмий изланишлар олиб борилмаган. Шунинг учун биз бу гени *G.hirsutum* геномида *in silico* усулида аниқлашни мақсад қилдик.

G.hirsutum геноми UGENE биоинформатик дастури орқали *in silico* PCR қилинди. Олинган натижалар асосида *Gossypium hirsutum* геномида 2 та SOS1 гени аниқланди. Бунда биринчи SOS1 гени А-геномнинг 5-хромосомада жойлашган. Ген 2274 bp нуклеотид жуфтидан иборат бўлиб, 12 та экзон ва 11 та интрондан ташкил

топган. Иккинчи SOS1 гени D-геном 12-хромосомада жойлашиб, 3303 bp дан иборат. Ген 21 та экзон ва 20 та интрондан ташкил топганлиги аниқланди.

Gossypium hirsutum да SOS1 генини излаш ва бу геннинг структурасини аниқлаш ва бунинг натижасида ген фаолиятини ошириш ўсимликнинг шўрга чидамлилигини таъминлашда муҳим ҳисобланади.

Фойдаланилган адабиётлар.

Суғориладиган ерларнинг шўрини ювиш ишларини ташкил қилиш бўйича ТАВСИЯ. Тошкент 2016 йил. Ўзбекистон Республикаси Қишлоқ ва Сув хўжалиги вазирлиги ТИМИ.

1. SHI, H., ISHITANI, M., KIM, C.S. AND ZHU, J.K. 2000. The Arabidopsis thaliana salt tolerance gene SOS1 encodes a putative Na⁺/H⁺ antiporter. Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 97:6896- 6901
2. FAO, 2011. FAO Land and Plant Nutrition Management Service.

ДЎЗАДА ТОЛА ЧЎЗИЛУВЧАНЛИГИ БЕЛГИСИНИ QTL ХАРИТАЛАШ

Макамов А.Х., Салахутдинов И.Б., Ачилов С.Г., Ғаффорова Н.Ф., Холмурадова М.М., Дарманов М.М., Тураев О.С., Хусенов Н.Н., Адилова О.Т., Шерматов Ш.Э., Буриев З.Т., Абдурахмонов И.Ю.

ЎЗР ФА, Геномика ва биоинформатика маркази
111215, Тошкент вил., Қибрай тум., Университет кўч., 2 уй.

amakamov@gmail.com

Тўқимачилик технологияларининг ривожланиши ип йиғирув ва мато тўқиш машиналарини катта тезликда ишлаб, самарали маҳсулот ишлаб чиқаришини талаб қилади. Бунда уларнинг бош хом ашёси бўлган пахта толасининг чўзилувчанлиги катта аҳамиятга эга. Чўзилувчанлиги юқори бўлган пахта толасидан сифатли ип калава йиғириб, улардан мустаҳкам мато тўқилади.

Ингичка тола ғўза (*G. barbadense L.*) навлари ўзининг тола сифати юқорилиги билан тўқимачилик саноатида қимматли хом-ашё ҳисобланади. Ушбу ғўза турининг бир жуфт хромосомаси ёки уларнинг жуфт бўлақларини ўрта толали ғўза турига (*G. hirsutum L.*) ўтказилиши натижасида олинган хромосомаси алмаштирилган линиялар (CS-B) ўзида ингичка тола ғўза турига хос белги ва хусусиятларга эга бўлгалиги сабабли пахтачиликда қимматли донор линиялар ҳисобланади. Шундай аҳамиятга эга бўлган CS-B линиялардан 22-хромосомаси алмаштирилган CS-B22 линия билан маҳаллий Ан-Баявут-2 ғўза нави иштирокида қимматли хўжалик белгиларни хариталашда муҳим бўлган рекомбинант инбред линияларлар (РИЛ) популяцияси яратилди. Ушбу популяциянинг ҳар бир линиясида ингичка толали ғўза турига хос бўлган 22-хромосоманинг бир неча маротаба рекомбинацияланиши натижасида гомозиготалашган кичик рекомбинант бўлақлар мавжуд бўлиб, улар линиялардаги фенотип ўзгаришларни молекуляр даражада тадқиқ қилишда ўзгаришга алоқадор бўлган геном регионини аниқлашда муҳим

ҳисобланади. Мазкур мақолада РИЛ популяцияни SSR (оддий такрорланувчи нуклеотидлар изчиллиги) праймерлар жуфтлиги ёрдамида тадқиқ қилиб, тола чўзилувчанлиги белгисини *QTL* хариталаш мақсад қилинган.

Тадқиқотда бошланғич материаллар сифатида маҳаллий Ан-Баявут-2 ғўза нави, хромосомаси алмаштирилган CS-B22 линия ва уларни дурагайлаб олинган популяциянинг 93 та РИЛлари ҳамда ушбу намуналарда молекуляр тадқиқотлар олиб бориш учун микросателлит маркерлардан фойдаланилди. РИЛ популяцияси ва уларнинг ота-она намуналари алоҳида беш метрли кўчатзорларда ўрганилиб, улардан тола сифати ва агрономик кўрсаткичларни баҳолаш учун 50 дондан кўсак пахтаси йиғиб олинди. Йиғиб олинган пахта намуналарида штапель тола узунлиги ўлчаниб, бир дона кўсак оғирлиги, тола чиқими ва индекси, 1000 дона чигит оғирлиги каби агрономик кўрсаткичлар баҳоланиш билан бирга уларнинг тола намуналари республика тола сифатини сертификациялаш “СИФАТ” марказида HVI (High Volume Instrument) ускунасида анализ қилинди.

Шунингдек, РИЛ популяциясининг ҳар бир линиясини микросателлит маркерлар билан ўрганиш мақсадида дастлаб популяциянинг ота-она генотиплари 884та SSR праймерлар жуфтлиги ёрдамида ПЗР (полимераза занжирли реакция) скрининг қилинди. Натижада, ота-она генотиплари ўртасида 54та генетик полиморф бўлган SSR маркерлар аниқланиб, улар ёрдамида популяциянинг 93та индивид линияси генотипик таҳлил қилинди. РИЛ популяцияси бўйича жамланган агрономик ва тола сифати белгилари ҳамда генотипик маълумотлардан фойдаланиб, *JoinMap* компьютер дастурида популяциянинг генетик харитаси тузилди. Унга кўра, LOD қиймати (2.0 дан юқори бўлганда генетик бирикканлик даражаси ишончли ҳисобланади) 10дан юқори бўлган 3 та бирикиш гуруҳлари аниқланди. Ушбу бирикиш гуруҳлари адабиётлар маълумотларига таққосланганда, 9, 20 ва 22-хромосомалар эканлиги маълум бўлди. Ўз навбатида, олинган натижалар *Win QTL Cartographer* дастурида анализ қилиниши натижасида 9-хромосомада жойлашган маркерларнинг толанинг чўзилувчанлиги белгисига генетик бириккан 2та QTL локуслари (LOD бали 4.5-5.7) аниқланди.

Аниқланган ушбу QTL локусларида ишончлилик даражаси (LOD score) 3.8-20.1гача бўлиб, бу уларни MAS дастурида кенг фойдаланишда уларнинг барқарорлигини таъмин этади. Тола чўзилувчанлигига генетик бириккан BNL-1414 ва Gh118 (LOD бали 20.1 ва 17.4) ДНК маркерлари адабиётлар билан солиштирилганда ҳақиқатда ҳам ушбу маркерларнинг мазкур белгига боғланганлиги маълум бўлди. Шунингдек, мазкур ДНК маркерлари тола узунлиги белгисига ҳам бириккан бўлиб, 9-хромосоманинг ушбу маркерлар жойлашган регионини тола сифатларига жавобгар бўлган генларга бой эканлигини тасдиқлайди.

Хулоса ўрнида таъкидлаш ўринлики, тола чўзилувчанлиги белгисига генетик бириккан иккита QTL локуслари ғўзада тола сифатини MAS дастури ёрдамида яхшилашда қимматли қурилма сифатида фойдаланилади.

ЃЎЗАНИНГ РЕКОМБИНАНТ ИНБРЕД ЛИНИЯЛАР (РИЛ) ПОПУЛЯЦИЯСИДА ТОЛА УЗУНЛИГИНИ QTL ХАРИТАЛАШ

Макамов А.Х., Салахутдинов И.Б., Ачилов С.Г., Гаффорова Н.Ф., Холмурадова М.М., Дарманов М.М., Тураев О.С., Хусенов Н.Н., Адилова О.Т., Шерматов Ш.Э., Буриев З.Т., Абдурахмонов И.Ю.

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

Тола сифати юқори, серҳосил ва турли зараркунандаларга чидамлик каби муҳим хўжалик-қимматли белгиларга алоқадор бўлган миқдорий белгилар локусларини (*QTL*) аниқлаш ғўзанинг янги навларини маркерларга асосланган селекция (*MAC*) усули ёрдамида қисқа муддатларда яратишда муҳим ҳисобланади.

Ўрта толали ғўза (*G. hirsutum L.*) навларида тола сифатини яхшилашда ўзида ингичка толали ғўза турининг (*G. barbadense L.*) бир жуфт хромосомаси ёки унинг бўлақларини тутган ғўзанинг хромосомаси алмаштирилган линиялари (*CS-B*) қимматли бошланғич материаллар ҳисобланади. Шунини инобатга олиб, 22-хромосомаси алмаштирилган *CS-B22* линия билан маҳаллий Ан-Баявут-2 нави иштирокида қимматли хўжалик белгиларни хариталашда муҳим бўлган рекомбинант инбред линияларлар (*РИЛ*) популяцияси яратилди. Ушбу популяциянинг ҳар бир линияси 22-хромосоманинг гомозиготалашган кичик рекомбинант бўлақларига эга бўлиб, улар линиялардаги фенотипик ўзгаришларни молекуляр механизмини ўрганишда муҳим ҳисобланади. Мазкур мақоланинг мақсади *РИЛ* популяцияни *SSR* (оддий такрорланувчи нуклеотидлар изчиллиги) праймерлар жуфтлиги ёрдамида тадқиқ қилиб, тола узунлиги билан бириккан *QTL* локусларини хариталашдан иборат.

Тадқиқотда бошланғич материаллар сифатида хромосомаси алмаштирилган *CS-B22* линия, Ан-Баявут-2 нави ва улар иштирокида олинган 93 та *РИЛ*дан иборат бўлган популяция ишлатилди. *РИЛ* популяцияси ва уларнинг ота-она намуналари алоҳида беш метрли кўчатзорларда ўрганилиб, улардан тола сифати ва агрономик кўрсаткичларни баҳолаш учун 50 дондан кўсак пахтаси йиғиб олинди. Йиғиб олинган пахта намуналарида агрономик кўрсаткичлар анализ қилиниб, толанинг сифат параметрлари республика тола сифатини сертификациялаш “СИФАТ” марказида *HVI* (*High Volume Instrument*) ускунасида анализ қилинди. Шунингдек, *РИЛ* популяциянинг ота-она генотиплари 884та *SSR* праймерлар ёрдамида ПЗР (полимераза занжирли реакция) скрининг қилиниши натижасида аниқланган 54та полиморф маркерлар билан популяциянинг 93та индивид линиясида генотипик таҳлиллар ишлари амалга оширилди. Жамланган фенотипик ва генотипик маълумотлардан фойдаланиб, *JoinMap* компьютер дастурида популяциянинг генетик харитаси тузилди. Унга кўра, *LOD* (генетик бирикканликнинг ишончли коэффициент; унинг қиймати 2.0дан юқори бўлганда ишончли ҳисобланади) бали 10дан юқори бўлган 3 та бирикиш гуруҳлари (*LG-linkage group*) аниқланди ва соҳага оид адабиётлар маълумотларига таққосланганда, 9, 20 ва 22-хромосомалар эканлиги маълум бўлди. Ўз навбатида, олинган натижалар *Win QTL Cartographer* дастурида

анализ қилиниши натижасида 9-хромосомада жойлашган маркерларнинг тола узунлиги белгисига генетик ассоциацияланган 3та QTL локуслари (LOD бали 4.5-5.7) аниқланди. Улардан биринчиси, 4.5 LOD балл билан BNL-1414 ва Gh247 маркерлар ўртасида, иккинчиси, 4.8 LOD балл билан Gh247 ва BNL-1317 маркерлар оралиғида ҳамда учинчиси, 4.5 LOD баллга эга бўлган BNL-1317 ва Gh118 маркерлари ўртасида жойлашганлиги аниқланди. Кўпгина адабиётларда 9-хромосоманинг BNL-1317 маркери жойлашган региони тола сифати белгиларига (тола узунлиги, пишиқлиги ва ингичкалиги) энг бой хромосома локусларидан эканлиги таъкидланган.

Хулоса ўрнида таъкидлаш ўринлики, РИЛ популяцияни 54та полиморф маркерлар ёрдамида тадқиқ қилиниши натижасида тола узунлиги билан генетик бириккан учта QTL локуслари аниқланди. Ушбу QTL локусларида ва уларга бириккан ДНК маркерлари келажакда тола узунлиги белгисини МАС усули ёрдамида янги ғўза навларига ўтказишда қимматли қурилма сифатида фойдаланилади.

ҒЎЗАНИНГ (*G.HIRSUTUM L.*) F₁ МОНОСОМИК ДУРАГАЙЛАРИДА ЙЎҚОЛГАН ХРОМОСОМАЛАРНИ ДНК МАРКЕРЛАРИ ЁРДАМИДА АНИҚЛАШ

Макамов А.Х., Холмурадова М.М., Буриев З.Т., Абдурахмонов И.Ю.,
Бобохужаев Ш.У., Санамьян М.Ф.

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

Текстил саноатининг жадаллик билан ривожланиши юқори сифатли ва табиий толага бўлган эҳтиёжнинг ортишига олиб келди. Бироқ, глобал ҳароратнинг кўтарилиши иктисодий сердаромад бўлган ғўза экинидан олинадиган пахта ҳосили ва унинг тола сифатига салбий таъсир этмоқда.

Қимматли хўжалик белгиларга бой бўлган ва юртимиз иқлим шароитига оптимал мослашмаган ғўза турларидан хромосома инженерлиги усулида фойдаланишда бир хромосома ёки унинг турли елкалари йўқолган ғўзанинг моносомик линиялари қимматли бошланғич материал ҳисобланади.

Республикаимизнинг нуфузли университетларидан бири бўлган Ўзбекистон Миллий Университетида кўп йиллар давомида ғўзанинг (*G.hirsutum L.*) Л-458 линияси асосида ноёб цитогенетик коллекция яратилган бўлиб, унда 100 га яқин моносомик линиялар мавжуд. Мазкур моносомик линияларда бир хромосома ёки унинг бир елкаси ёқолганлиги анъанавий цитогенетик усуллар ёрдамида аниқланган бўлсада, лекин уларнинг нечанчи хромосомаси ёки қайси бўлақлари йўқолганлигини аниқлаш анчагина машаққатли ва кўп вақт талаб этадиган жараён ҳисобланади. Бундай моносомик линияларда йўқолган хромосома ёки унинг бўлақларини ғўзанинг ҳар бир хромосомаларига хос бўлган ДНК маркерлари ёрдамида аниқлаш имконияти мавжуд. Бунинг учун моносомик линияларнинг бошқа ғўза тури билан дурагайлашувидан олинган F₁ авлод моносомик дурагай ўсимликлар керак бўлади. Ҳозирда ушбу цитогенетик коллекцияда бир нечта моносомик линиялар билан

ингичка толали ғўза турига (*G.barbadense* L.) мансуб 3-79 линияни дурагайлаши натижасида олинган F1 авлод моносомик дурагай ўсимликлар ($2n=51$) мавжуд. Ушбу моносомик дурагайларда нечанчи хромосома ёки унинг қайси бўлаклари йўқолганлигини дунё ўсимликлар геномикаси соҳасида кенг қўлланилаётган ДНК маркерлар технологияси ёрдамида аниқлаш мазкур тадқиқотнинг асосий мақсади ҳисобланади.

Мазкур тадқиқотда ғўзанинг 12 та F1 авлод моносомик дурагайлари ($2n=51$) ва уларнинг нормал хромосома наборига эга бўлган ота-она генотиплари ҳамда биринчи авлод дурагайининг барг тўқималари тадқиқот объекти сифатида фойдаланилди. Шунингдек, ғўзанинг ҳар бир хромосомасига хос бўлган 4 тадан SSR (оддий такрорланувчи нуклеотидлар кетма-кетлиги) праймерлар жуфтликларидан (жами 104 та) ДНК маркерлари сифатида фойдаланилди.

Тадқиқот учун олинган барг тўқималаридан геном ДНКлар СТАБ усулида ажратилиб, уларнинг концентрациялари 0.9% оддий агароза гелида 25 нг/мкл.ли фаг ДНК маркерига визуаль қиёслаш орқали ишчи ҳолатга келтирилди. Сўнг ушбу ДНК намуналарида ғўза хромосомаларига хос бўлган 104 та SSR праймерлар жуфтликлари ёрдамида нечанчи хромосома ёки унинг қайси бўлаклари йўқолганлигини аниқлаш учун ПЦР скрининг ишлари амалга оширилди. ПЦР маҳсулоти 3.5% High-resolution агароза гелида электрофорез қилиниб, Alpha Imager 300 (Innotech Inc., USA) ускунасида расм шаклда документлаштирилди. Олинган натижалар генеотипик таҳлил қилинганда, F1 688-9 сонли моносомик дурагайда 6-хромосоманинг йўқолганлиги ушбу хромосомага хос бўлган TMB0154, TMB0853, TMB1484, TMB1538 каби праймерлар ёрдамида аниқланди.

Бугунги кунда йўқолган хромосомалари маълум бўлган бир нечта дурагайларда хромосомаси алмаштирилган линияларни олиш мақсадида навбатдаги тадқиқотлар жадаллик билан олиб борилмоқда. Бу ўринда хромосомаларга хос бўлган ДНК маркерларидан қимматли қурилма сифатида фойдаланилмоқда.

O‘SIMLIK PEROKSIDAZA FERMENTINING AKTIVLIGINI TEMPERATURAGA BO‘G‘LIQ HOLDA O‘RGANISH

Maxkamov S.A., Shohiddinova M.N., Fayziyev V.B.

Mirzo Ulug‘bek nomidagi O‘zbekiston Milliy universiteti,
fvaxid@mail.ru

Fermentativ kataliz bu - ishlab chiqarish, fan va tibbiyotning turli sohalaridagi eng istiqbolli jarayonlaridan biridir. Ishlab chiqarishdagi biokatalitik jarayonlarda turli-tuman fermentlardan foydalaniladi, oksireduktazalar sinfining vakili sifatida xususan o‘simlik peroksidazalari katta qiziqish uyg‘otadi (Рогожин, 2004).

Bugungi kungacha bu ferment zamburug‘lardan *Aspergillus* avlodiga mansub *Aspergillus niger* va bir qator zamburug‘lardan hamda xren o‘simlikligidan ajratib olingan va amaliyotda asosan xren peroksidazasi ko‘p ishlatiladi (Лаврентьева, 2010). Peroksidaza olishning zamonaviy texnologiyasi ko‘p mehnat talab qiladigan kam mahsulot beruvchi va mavsumiy xomashyo qo‘lanilishi qimmat turuvchi xorijiy xromotografik sorbentlar qo‘lanilishi bilan bog‘liq bo‘lib, bu o‘z navbatida ferment narxining oshishiga olib keladi (Рогожин, 2004). Shuning uchun mamlakatimizda turli sohalar uchun zarur

bo'lgan termostabil bo'lgan peroksidaza fermenti manbalarini aniqlash muhim amaliy va nazariy ahamiyat kasb etadi.

Ushbu ishda optimum haroratda yuqori aktivlik namoyon qiluvchi peroksidaza izofermentini aniqlash va aktivligini o'rganish maqsad qilib olindi. Bu ishni amalga oshirish uchun tabiiy holda o'suvchi otquloq (*Rumex crispus*) va yer qalampiri (*Armorasia rusticana*) o'simliklari barg to'qimasidan ajratilgan ferment preparatining aktivligi turli haroratda qizdirilgandan so'ng o'rganib chiqildi. Bu jarayonni amalga oshirish uchun har ikkala o'simlikdan ajratilgan ferment preparati 100 marotaba suyultirib o'rganildi, nazorat sifatida esa har ikkala o'imlikdan olingan qizdirilmagan ferment preparatidan foydlandi. Ferment aktivligi haroratning ortib borish tartibida Boyarkin usulida, KFK-3 qurilmasida aniqlandi.

Olingan tadqiqot natijalari shuni ko'rsatdiki, harorat ortib borishi natijasida ferment aktivligi nazoratga nisbatan quydagi natijani ko'rsatdi: *Armorasia rusticana* o'simligidan ajratilgan ferment preparatining aktivligi nazoratga nisbatan $45^{\circ}=50,4$, $50^{\circ}=52,1$, $55^{\circ}=64,4$, $60^{\circ}=53,9$, $65^{\circ}=63,4$, $70^{\circ}=34,2$, $75^{\circ}=25,2$ Ed/mg ni taskil qilgan bo'lsa, *Rumex crispus* o'simligidan ajratilgan ferment preparatining aktivligi esa nazoratga nisbatan $45^{\circ}=128,8$, $50^{\circ}=109,8$, $55^{\circ}=94,0$, $60^{\circ}=98,2$, $65^{\circ}=60,88$, $70^{\circ}=52,5$ Ed/mg ni tashkil etgan bo'lsa, 75° da esa umuman aktivlik namoyon bo'lmaganligi kuzatildi.

Umuman olganda, otquloq o'simligidan ajratilgan peroksidaza aktivligining yuqoriligi, keyinchalik bu o'simlikdan yuqori aktivlikka ega bo'lgan ferment preparatini olish imkonini berishi mumkin. Bu keyingi tadqiqotlarda fermentning boshqa xususiyatlarini ham yanada chuqurroq o'rganishni talab etadi.

БИОКОНВЕРСИЯ ФЕНОЛЬНЫХ ГЛИКОЗИДОВ ПРОПОЛИСА И ЛЕКАРСТВЕННЫХ РАСТЕНИЙ КИШЕЧНЫМИ БАКТЕРИЯМИ Мавлонов Г.Т.¹, Мамадрахимов А.А.², Шарипов А.Т.³, Шерматов Ш.Э.¹

¹ Центр геномики и биоинформатики АН РУз

111215, Ташкентская обл., Кибрайский район, ул. Университетская, д. 2,

²Институт Биоорганической химии АН РУз,

³Ташкентский фармацевтический институт,

gafur_mavlonov@yahoo.com

Пчелиный прополис и различные препараты на основе его спиртового экстракта нашли применение в медицинской практике из-за эффективности в качестве антимикробного, противовоспалительного и противоракового средства. Состав прополиса изменчив и зависит от географического происхождения и предпочтения пчел – сборщиков, которые собирают исходный материал в виде выделений почек растений, ферментируют слюнными железами и смешивают пчелиным воском. Целевая биологическая эффективность прополиса зависит от биодоступности комплекса соединений, главным образом фенольных веществ растительного происхождения. Известно, что большинство флавоноидов, фенольных кислот и кумаринов в растительном источнике прополиса находятся в виде гликозилированных производных и их усвояемость уступает соответствующим агликонам. Применение ферментации цельного прополиса с применением биосовместимых микроорганизмов – наиболее перспективный метод улучшения фармакологических качеств исходного прополиса.

Метод микробиологической ферментации издавна применяется для получения функциональных пищевых продуктов. Наиболее часто в целях биоконверсии применяют микроскопический гриб *Aspergillus niger*, так как гриб и его ферменты проявляют устойчивость в технологических условиях. Однако, *A. niger* известен как продуцент пирогенных токсинов и часть подобных веществ может попасть в целевой продукт. Другим эффективным биоконверсионным агентом для гликозидов прополиса можно рассматривать непатогенные фекальные бактерии человека. В настоящее время пробиотики используют для коррекции дисбаланса кишечной микрофлоры (фекальной трансплантации) и безвредность группы бактерий *Bifidobacterium bifidum*, *Lactobacillus acidophilus* и *Streptococcus thermophilus*, а также их продуктов жизнедеятельности не вызывает сомнений.

Сравнительный анализ состава изученных образцов прополиса показал, что по составу они преимущественно тополинного происхождения, так как состав флавоноидов характерен почкам тополя (показано для почек *Populus alba* L.) и частично для березы или дуба (по содержанию эллаговой кислоты), а также травянистых ароматических растений (по содержанию кофеил-ферулоил-хинной кислоты, вероятные источники: ромашка, одуванчик).

В наших экспериментах мы испытывали возможность биоконверсии гликозилированных флавоноидов прополиса местного происхождения состоящий преимущественно из рутина, гликозидов лютеолина и мирицетина в соответствующие свободные агликоны. Так как прополис в больших концентрациях имеет неспецифическую антимикробную активность мы применяли твердофазный метод ферментации на носителе состоящий из смеси силикагеля и крахмала с увлажнением 25%. Прополис – субстанцию растирали с сухим силикагелем до концентрации 50 мг на 1 г. Микроорганизм, предварительно выращенный из соответствующих медицинских пробиотиков в жидкой среде с гидролизатом казеина, добавляли в ферментационную смесь в концентрации 10⁷ – 10⁸ клеток на 1 г. Процесс ферментации проводили при 37 °С в течение 5 суток. Эффективность биоконверсии гликозидов прополиса определяли методом высокоэффективной жидкостной хроматографии - масс спектрометрии (ВЭЖХ-МС). Количественную оценку проводили по увеличению концентрации суммы кверцетина и лютеолина в этаноловом экстракте прополиса до и после ферментации.

(*B.bifidum*+*L.acidophilus*+*S.thermophilus*) > (*L.acidophilus*+*S.thermophilus*) > (*L.acidophilus*)

Разработанный подход испытали также для ферментации гликозид – содержащего растительного сырья. Так, ферментация по указанной выше схеме проведена для образцов ромашки аптечной (*Matricaria chamomilla*), корней солодки (*Glycyrrhiza glabra*). В случае ферментации растительного сырья также смешанная культура оказывала более полное превращение гликозидов в агликоны чем отдельно взятая культура пробиотика. Таким образом мы предлагаем описанный способ биоферментации как метод улучшения фармакологических качеств пчелиного прополиса и изменения метаболомного профиля фенольных соединений у растений и экстрактов из них. Данный подход может рассматриваться как после уборочная метаболомная инженерия фенольных гликозидов под действием гликозидаз фекальных бактерий в кишечнике, который имеет место при естественном потреблении прополиса и лекарственных растений.

СРАВНИТЕЛЬНЫЙ ПРОФИЛЬ ПОЗИЦИОННЫХ ИЗОМЕРОВ ТРИГЛИЦЕРИДОВ СЕМЯН ХЛОПЧАТНИКА ТРЕХ ВИДОВ

Мавлонов Г.Т., Шерматов Ш.Э., Кушанов Ф.Н., Адылова А.Т.

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

Хлопчатник возделывается с целью получения волокна с уникальными свойствами, в то же время не менее 60% урожая (хлопка-сырца) состоит из семян и хлопчатник заслуженно относят к масличным культурам. По данным государственного департамента США по сельскому хозяйству в списке по потреблению хлопкового масла США и Узбекистан занимают 5- и 6-места соответственно с годовым потреблением 236000 и 210000 тонн (www.fas.usda.gov/data/oilseeds-world-markets-and-trade). Мировыми лидерами по потреблению хлопкового масла являются Индия (>1.2 млн т) и Китай (>1.1 млн т). Главный компонент хлопкового масла потребительской очистки состоит из триацилглицеридов (ТАГ).

Учитывая важность этого класса запасных липидов для физиологии семян, в частности, в проявлении таких свойств семян, как всхожесть, энергия прорастания, стресс, резистентность проростков и т.д. мы изучали состав позиционных изомеров ТАГ. Известно, что масличные семена и потребительское масло из них характеризуются, в основном, по общему содержанию жирных кислот (ЖК). Данный параметр, хотя важен для оценки потребительской ценности для питания человека, мало информативен с точки зрения изучения физиологии семян. Так, по ЖК-составу хлопковое масло занимает промежуточное положение между оливковым и подсолнечными маслами. Все три перечисленные масла относятся к олеиново (C18:1)-линолевому (C18:2) типу масел. В отличие от оливкового и подсолнечного масел хлопковое масло содержит больше пальмитиновой кислоты (C16:0), а более высокое содержание линолевой кислоты у хлопкового масла (40-45%) относительно оливкового (5-10%) определяет его ценность в производстве маргарина и как полувысыхающего масла в лакокрасочном производстве.

Отдельные классы изомеров ТАГ определяли с помощью тонкослойной хроматографии в слоях силикагеля с импрегнацией нитрата серебра (Ag-ТСХ). Количественное определение фракций проводили сканированием Ag-ТСХ хроматограммы (проявка над парами йода) с помощью компьютерной программы цифровой обработки Quantity One (Bio-Rad, США, демо – версия по сайту: www.bio-rad.com/en-us/product/quantity-one). Идентификация молекулярных типов ТАГ проведена с помощью масс-спектрометрии (прямой ввод экстракта пятна в масс-спектрометр Agilent 6400 тройного квадрупольного ВЭЖХ-МС оборудования, Agilent, США). Испытанные сорта – относящиеся к виду *G. hirsutum*, в качестве главного компонента содержали изомеры SSL (здесь и далее обозначение ЖК по первым буквам их названия) и SML (>35%), а также SOO и POO (>40%). Сравнение сортов, относящихся к другим видам *G. barbadense* и *G. tomentosum*, выявило следующие отличия: тонковолокнистый хлопчатник отличается относительно низким содержанием фракции изомера SLL; SML (18-20%) SOO; POO ($\geq 45\%$). *G. tomentosum* отличается более высоким содержанием фракции SLL; SML ($\geq 40\%$), а

по содержанию фракции SOO; POO занимает промежуточное положение между тонковолокнистым и средневолокнистым хлопчатником.

В работе также исследован состав позиционных изомеров ТАГ в зависимости от срока созревания и на отдельных ярусах у сорта Равнак-1. Показано, что условия созревания семян до состояния уборочной спелости влияют на содержание минорных компонентов, таких, как диацил-глицериды. Также сравнительно исследованы содержание комплексов Майяра в зависимости от условий созревания. Обсуждается роль изомеров ТАГ и сопутствующих продуктов в формировании качества семян хлопчатника.

ВЕРТИЦИЛЛЁЗ ВИЛТГА ҚАРШИ КУРАШИШДА МАС ТЕХНОЛОГИЯСИНИНГ АҲАМИЯТИ ВА РОЛИ

Маткаримов М.Ў., Хусенов Н.Н., Тураев О.С., Норбеков Ж.К.,
Кушанов Ф.Н., Абдурахмонов И.Ю.

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

Сўнги йилларда Республикамиз пахтачилигига жиддий зарар келтираётган касалликлар ичида вертициллёзли вилт касаллиги алоҳида ўрин тутди. Ушбу касаллик туфайли бугунги кунда етиштирилаётган пахта ҳосилининг қарийб 5-7 фоизи йўқотилмоқда. Муаммодан келиб чиққан ҳолда касалликка қарши курашишда энг замонавий ва самарали усуллардан фойдаланиш замон талабидир. МАС (Маркерларга асосланган селекция) технологияси селекция соҳасида кескин бурилиш ясаган инновацион технология ҳисобланиб, унинг асл моҳияти генотипдаги маркерларга ёрдамида фенотипни танлаш демакдир. Мазкур технология мамлакатимизда илк бор ғўза экинига тадбиқ қилинган бўлиб, бунинг натижасида юқори тола сифат кўрсаткичларига эга бўлган нав ва линиялар яратилган. Мазкур тадқиқотдан кўзланган мақсад марказда ген-нокаут ҳамда МАС технологиялари асосида яратилган навларга “генларни пирамидалаш” усулларида фойдаланиб вертициллёзли вилтга чидамлилик генларини интрогрессия қилишдан иборат.

Тадқиқот учун Ўзбекистон ғўза гермоплазмасидан ушбу касалликка чидамли деб топилган 18 та линия ҳамда маълумотлар базаси асосида чидамлиликка генетик бириккан 46 та ДНК маркерлари танлаб олинди. Танлаб олинган ДНК маркерлари Порлоқ (ген-нокаут) ҳамда Равнақ (МАС) навлари билан вертициллёзли вилтга нисбатан юқори чидамли бўлган 18 та линиялар ўртасида полиморфизмни аниқлаш учун хизмат қилди. ПЗР скрининг натижаларига кўра BNL2646 ҳамда BNL3255 маркерлари Порлоқ-1, Порлоқ-2, Равнақ-1, Равнақ-2 навлари билан 10 та чидамли линиялар (Deltopine 14, Meade 14-2, Rex, DPZ 554085, Mebane B-1, RS – 89, Туре 4 AVB5, PD 6520, PD 747, PD 648, Las Brenas 347) ўртасида юқори полиморфизм кузатилди. Донор линияларнинг ҳар бири реципиент сифатида олинган Порлоқ ҳамда Равнақ навлари билан ўзаро чатиштирилиб дурагай ўсимликлари олинди. Биринчи авлод (F1) дурагай ўсимликлари реципиент навлар билан қайта чатиштирилди ва беккросс биринчи авлод (BC1F1) дурагайлари яратилди. Тегишли

ДНК-маркерларидан фойдаланиб геномида донор аллеллари мавжуд бўлган дурагайлар ПЗР скрининг асосида танлаб олинди.

Келгуси тадқиқотларда ушбу дурагайлар бешинчи авлодга қадар реципиент навлари билан қайта (беккросс) чатиштирилади ва ҳар бир авлод дурагайлари молекуляр скрининг асосида танлаб борилади. Шундан сўнг дурагайлар яна уч авлод ўз-ўзидан чатиштирилиб якка танлов асосида тола сифати юқорилиги билан бир қаторда вертициллёзли вилт касаллигига чидамли бўлган линиялар танлаб олинади.

Хулоса ўрнида шуни айтиш мумкинки, ғўзанинг мамлакатимиз учун стратегик экин эканлиги ҳамда вертициллёзли вилт касаллиги туфайли келтириладиган иқтисодий зарар эътиборга олинadиган бўлса бу йўл билан янги навларни яратиш соҳадаги долзарб вазифалардан бўлиб қолади.

РАВНИТЕЛЬНОЕ ИЗУЧЕНИЕ ПОЛИМОРФИЗМА МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ УЗБЕКИСТАНСКОЙ СЕЛЕКЦИИ С ПОМОЩЬЮ ДНК-МАРКЕРОВ

Норбеков Ж.К., Хуршут Э.Э., Адылова А.Т., Кушанов Ф.Н.,
Абдурахмонов И.Ю.

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

С введением в практику биологических исследований ДНК-маркеров появились новые возможности идентификации, инвентаризации, а также изучения генетического разнообразия организмов. В частности, SSR или микросателлитные локусы, представленные множественными аллелями и характеризующиеся сравнительно высокой гетерогенностью, являются удобным и перспективным инструментом для анализа полиморфизма геномной ДНК. Более того, ДНК-маркеры успешно используются для генетического картирования, выявления генов, ответственных за полезные признаки растений, клонирования и интрогрессии нужных генов в селекционный материал, они позволяют эффективно решать проблемы правильного подбора родительских пар для получения нужного фенотипа.

Работы по изучению генетического разнообразия зерновых культур с использованием ДНК-маркеров в Узбекистане до сих пор не проводились. В свете сказанного целью настоящей работы является исследование с помощью микросателлитного анализа полиморфизма геномной ДНК сортов мягкой пшеницы отечественной селекции.

Объектом исследования были 24 сорта мягкой пшеницы (включенные в Государственный реестр сельскохозяйственных культур республики Узбекистан, Ташкент, 2014), которые различались между собой по ряду биологических и хозяйственных признаков: продолжительность вегетационного периода, урожайность, масса 1000 зерен, натура зерна, поражаемость болезнями и т.д. ДНК этих генотипов была зондирована с помощью 96-ти микросателлитных SSR-праймеров - ожидаемо информативных маркеров на основании анализа зарубежной литературы по генотипированию гермоплазмы гексаплоидной пшеницы [1]. Тем не менее, только половина из них детектировала соответствующие локусы на нашем селекционном материале. В общей сложности было идентифицировано 280 аллелей,

из которых приблизительно 25% были мономорфными, остальные би- и мультиаллельными, вплоть до 5 (WMC-432 и GPW-2203) и 7 (WMC-526) аллелей. Дискриминационная способность маркеров (PIC) в анализируемой популяции пшеницы колебалась от 0 до 0,807 (WMC-526), составляя в среднем 0,347, а количество аллелей на локус коррелировало со степенью полиморфности маркера. Еще одной мерой генетического разнообразия (помимо PIC) является гетерозиготность, которая рассматривается как средняя порция локусов с двумя различными аллелями в одном локусе у одной особи. Обычно это распространяется на всю популяцию или какую-то ее часть и подразделяется на наблюдаемую и ожидаемую гетерозиготность [2] He. Показатели для ожидаемой гетерозиготности в нашей популяции пшеницы варьировали от 0 до максимального значения 0,83 (WMC-526).

Таким образом, генотипирование 24 сортов мягкой пшеницы Узбекистана с использованием микросателлитных ДНК маркеров показало существование определенного различия между ними как по количеству аллелей (ПЦР-фрагментов) на локус, так и по индексу генетического разнообразия. Вместе с этим, принимая во внимание слабую группируемость сортов, на основе проанализированных к данному моменту SSR-маркеров, считаем целесообразным поиск более контрастных маркеров, способных явно дискриминировать изучаемые сорта мягкой пшеницы, что и является предметом наших текущих исследований.

СПИСОК ИСПОЛЬЗОВАННОЙ ЛИТЕРАТУРЫ

-Bonjean A. P., and P. Lacaze. /Molecular marker systems and bread wheat. In: A. P. Bonjean, and W. J. Angus (eds.), // The World Wheat Book, 2001. P. 1049-1060. Lavoiser Press, Londres-Paris-New York.

-Elston R.C. Polymorphism Information Content под ред. P. Armitage, T. Colton, Chichester, UK: John Wiley & Sons, Ltd, 2005.

ЎЗБЕКИСТОН БУҒДОЙ СЕЛЕКЦИЯСИДА ДНК МАРКЕРЛАР ТЕХНОЛОГИЯСИНИ ТАДБИҚ ҚИЛИШ

Норбеков Ж.Қ., Дарманов М.М., Тураев О.С., Макамов А.Х., Маткаримов М.Ў.,
Хусенов Н.Н., Зупарова Д.М. Кушанов Ф.Н., Абдурахмонов И.Ю.

ЎЗР ФА, Геномика ва биоинформатика маркази
111215, Ўзбекистон, Тошкент вил., Қибрай тум., Университет кўч., 2-уй.
dj.norbekov@genomics.uz

Буғдой (*Triticum spp.*) дони дунё аҳолисининг учдан бир қисми кундалик истеъмол қиладиган асосий озиқ-овқат маҳсулотларидан бири ҳисобланади. Буғдой экиннинг асрлар давомида интенсив тарзда етиштирилиши оқибатида ҳосилдорликка жиддий зарар келтирадиган *Puccinia spp.* замбуруғлари кўзгатувчи занг касалликлари дунё бўйлаб жуда кенг тарқалиб кетган. *Puccinia striiformis f. sp. tritici* кўзгатувчи сариқ занг касаллиги ҳам бошқли дон экинларининг, шу жумладан буғдойнинг халқаро аҳамиятдаги хавfli касалликларидан биридир. Касалликка чидамлилик хусусиятларини ҳосилдорлик ва дон сифат кўрсаткичлари юқори бўлган навларга интеграция қилиш бутун дунё буғдой селекцион дастурининг муҳим вазифаларидан ҳисобланади.

Сўнги йилларда молекуляр биология ва геномика соҳаларида эришилган ютуқлар ДНК-маркерларига асосланган селекция (МАС) технологиясининг ишлаб чиқилишига хизмат қилди. МАС технологиясининг анъанавий селекция билан уйғунлашиши экин майдонида зарарли ўсимликларга қарши сарф-харажатларининг қисқаришини, селекция жараёнининг бир неча марта тезлашишини, унинг самарадорлик ва аниқлик даражасининг бир неча бор ошишини таъминлайди. МАС технологияси қисқа муддатда исталган нав геномига бир пайтнинг ўзида генларнинг гуруҳларини мақсадли равишда киритиш имконини беради. Бунинг самарасида навнинг мослашувчанлиги, барқарорлиги ва чидамлилигини белгилайдиган генетик хилма-хиллиги янада кенгаяди. Мазкур технологияни амалий селекцияга тадбиқ қилиш учун энг аввало белгига генетик жиҳатдан бириккан ДНК-маркерлар идентификация қилиниши талаб этилади.

Ҳозирги кунда марказимизда буғдой геномикасини ўрганишда ДНК-маркерларидан кенг фойдаланилмоқда. Жумладан SSR-маркерларидан фойдаланиб, буғдой навлари ва бир қанча линияларни ДНК-полиморфизмига асосланган молекуляр карталаштириш, генотиплаш, занг касаллигига чидамлилик билан генетик ассоциацияланган генларни аниқлашда бир қатор BARC, CDM, CFA, CFD, GPW, WMC, WMS праймерлар панели яратилмоқда.

Марказ тажриба хўжалигида 70 га яқин занг касаллигига чидамли ва чидамсиз нав ва линиялар экилган бўлиб, уларни сариқ занг замбуруғи спораси билан суний зарарлантирилиб, фенотипик баҳолаш ишлари олиб борилмоқда. Ушбу касалликка чидамли деб топилган линиялар дурагайлаш ҳамда МАС усуллари қўлланилиб хосилдорлиги ва нонбоплиги юқори, бироқ сариқ занг касаллигига чидамлилиги паст бўлган навларга керакли QTL-аллелари кўчириб ўтказилади.

РОЛЬ БИОТЕХНОЛОГИЧЕСКОГО МЕТОДА ПРИ ПОЛУЧЕНИИ УСТОЙЧИВЫХ К ФУЗАРИОЗНОМУ ВИЛТУ ЛИНИЙ ХЛОПЧАТНИКА.

Норов Т.М., Аюбов М.С., Ахмедов М.С., Жураев А.А., Убайдуллаева Х.А.,
Буриев З.Т., Абдурахмонов И.Ю.

Центр Геномики и биоинформатики АНРУз
111215, Ташкентская область, Кибрайский р-н, ул. Университетская- 2
info@genomics.uz

Среди заболеваний хлопчатника фузариозный вилт приносит самый большой вред, но изучение этой болезни считается трудным. Одной из причин слабого изучения гриба *Fusarium* в нашей Республике является изменчивость его морфологических признаков и сложность определения видов. Самое главное, отсутствие или ненадежность определителей, связанных с таксономией, приводит к затруднениям в их изучении. Кроме того, создание устойчивых к болезням новых сортов тоже становится причиной появления новых рас патогенов.

В последние годы перед научными сотрудниками центра поставлена задача создания новых биотехнологических линий устойчивых к фузариозному вилту и их посадка в зараженных вилтом регионах республики и на основании этого повысить экономическую эффективность сельского хозяйства.

Для этого в центре имеется ген LAE1, который управляет формированием микро и макро конидий *Fusarium* и который становится причиной гибели растения.

Этот ген секвенирован из местных рас гриба FOV. Кроме этого секвенирован и клонирован ген FoSTUA из расы гриба FOV, управляющий вторичными метаболитами, бикаверином, фумонизином, фузариозной кислотой и синтезом фузариоза. Эти гены и их фрагменты были выбраны для составления конструкций бинарных векторов на основе технологии РНК интерференции (RNAi). При нокауте гена LAE1 в патогенах, попавших в организм растения останавливается формирование спорогенеза и конидий. В результате патоген становится бесплодным. А при нокауте гена FoSTUA патоген не способен выделять фитотоксин.

С этой целью выбранные фрагменты гена клонированы в клонирующий вектор TOPOTA и после нескольких этапных реакций гены FoSTUA и LAE1 были трансформированы в вектор pHellsGate-8. Трансформанты были проверены на основе ПЦР скрининга. После этого, RNAi pHG8_FoSTUA и pHG8_LAE1 размножены в селективной среде с антибиотиками гентомицином и спектономицином. В целях изучения функций этих генов векторы RNAi pHG8_FoSTUA и pHG8_LAE1 при помощи агробактериума штамма LB 4404 были трансформированы в ткань хлопчатника линии С-312 и методом оптимизированного соматического эмбриогенеза получены регенерантные растения.

В настоящее время осуществляется уход трансформантных растений в условиях фитотрона, выделения геномных ДНК и генотипирование методом ПЦР.

ГЕНЛАРНИ ПИРАМИДАЛАШДА ГЕН НОКАУТ ТЕХНОЛОГИЯСИНИНГ РОЛИ

Норов Т.М., Шапулатов У.М., Аюбов М.С., Усмонов Д.Е., Ахмедов М.С.,
Имамхожаева А.С., Бўриев З.Т., Абдурахмонов И.Ю.

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

«Ген-нокаут» организмдаги муайян генлар фаоллигини тўхтатиб қўйиш имконини берадиorganizmdagi. Бугунги кунда дунё олимлари ушбу технологиядан ўсимлик ва ҳайвонларнинг турли генлари функциясини аниқлашда кенг фойдаланиб келмоқдалар. Хусусан марказимизда ғўза ўсимлигидаги РНУА1 генини нокаут қилиш натижасида тола сифати, эртапишарлиги ва ҳосилдорлиги юқори бўлган навлар яратилган. Ушбу технологияни такомиллаштириш мақсадида бир ўсимликдаги бир неча белгиларни бошқарувчи генларни бир векторга жамлаш йўли билан ўсимликларнинг ҳосилдорлиги юқори, ташқи муҳит омилларига ва турли касалликларни келтириб чиқарувчи фитопатогенларга чидамлилигини оширишни мақсад қилдик.

Генларни пирамидалаш тадқиқотлари чет эл олимлари томонидан бир неча ўсимликларда олиб борилган. Хусусан, модел организм *Arabidopsis thaliana* ўсимлигида турли оксилар экспрессиясига алоқадор бир қанча генлар биргаликда ягона векторга киритилган ва олинган мутантларда юқоридаги генларнинг ген экспрессиялари ўрганилган. Аммо ушбу тадқиқотлар фундаментал характерга эга бўлиб, ҳали қишлоқ хўжалигига жорий қилинмаган.

Ўсимликларда ёруғликларни сезувчи фоторецептор генларидан бири фитохром А (PHYA) гени, ўсимликларнинг қурғоқчилик, шўрхоқлик ва совуққа чидамлилигини таъмин этувчи Eskimo ва ўсимликларда касаллик кўзгатувчи фитопатогенларни иккиламчи метоболитларини синтезловчи LAE1 генлари амплификация қилиниб, сўнгра TOPO-TA векторига трансформация қилинди. Киритилган ген фрагментлари EcoR1 ферменти билан кесилди. Бир неча босқичли реакциялардан сўнг ушбу генлар T4 ДНК лигаза ферменти ёрдамида бир бирига тикилди. Бир бирига уланган генлар (PhyA1+Esk+LaeA) қайта TOPO-TA векторига трансформация қилиниб, pDONR вектори ёрдамида pHellsGate-8 векторига киритилди. Ушбу кўп генли “кассетани” текшириш мақсадида турли сифат реакциялари кўйилди. Ушбу конструкцияни BioEdit дастурида таҳлил қилинганда ушбу конструкция орқали нишон қилинган генларни “ўчириш” эҳтимоллиги юқори эканлиги кузатилди.

Ҳозирда ушбу конструкцияларни агробактериянинг LBA 4404 ва GV 3101 штаммларига трансформация қилинган бўлиб, LBA 4404 штаммини ғўза ва картошка ўсимликларига трансформация қилиш ишлари давом этмоқда. GV 3101 штамми эса Arabidopsis thaliana ўсимлигига трансформация қилинди ва pHG8_LAE1+Esk+PHYA конструкциясини тутган T0 мутант ўсимликлари танлаб олинди. Танлаб олинган T1 ўсимликларнинг уруғлари T2 авлод олиш учун қайта экилди ва яна геном ДНК ажратилиб ПЗР усулида ўзида pHG8_LAE1+Esk+PHYA конструкциясини тутган ўсимликлар танлаб олиниб ўруғлари йиғиб олинди.

Ҳозирда ушбу мутантларни турли абиотик стрессларга ва касалликларга чидамлилигини ўрганиш мақсадида лаборатория синовлари амалга оширилмоқда.

Хулоса қилиб айтганда RNA интерференция технологияси бир ўсимликда уч ва ундан ортиқ қимматли хўжалик белгиларини бошқарувчи генларни ген-нокаут йўли билан ўчириш ёки фойдали генларни оверэкспрессия қилиш орқали янги биотехнологик навлар ва селекция учун қимматли бошланғич линиялар яратилади.

ВСТРЕЧАЕМОСТЬ ПОЛИМОРФИЗМ ГЕНА ИНГИБИТОРА АКТИВАТОРА ПЛАЗМИНОГЕНА 1 ТИПА У БОЛЬНЫХ СТАБИЛЬНОЙ СТЕНОКАРДИЕЙ НАПРЯЖЕНИЯ

¹Нуриллаева Н.М., ¹Хасанова Н. А., ²Ибрагимов З.З.

¹Министерство Здравоохранения Республики Узбекистан
Ташкентская медицинская академия

²Министерство Здравоохранения Республики Узбекистан
НИИ Гематологии и Переливания Крови
info.niigem@minzdrav.uz

Одним из основных компонентов антисвертывающей системы крови является ингибитор активатора плазминогена (РАI-1). РАI-1 обеспечивает до 60 % общей ингибиторной активности в отношении активатора плазминогена в плазме, играя важную роль в регуляции фибринолиза. Повышенный уровень ингибитора активатора плазминогена I типа (РАI-1) ассоциируется с более тяжелым течением ишемической болезни сердца (ИБС). Механизм такого повышения до настоящего времени не ясен. Известно, что уровень транскрипции mРНК гена РАI-1 коррелирует с определенным аллельным вариантом этого гена. Именно это и

позволяет считать ген PAI-1 одним из возможных генов кандидатов, определяющих наследственную предрасположенность к ИБС. Описан ряд полиморфных маркеров гена PAI-1. Наиболее часто в исследованиях используется мононуклеотидный полиморфный маркер типа делеция/вставка, расположенный в промотерной области в положении -675 (4G(-675)5G). У носителей аллеля 4G как в гетеро- так и в гомозиготном состоянии отмечается и более высокий уровень PAI-1 плазмы.

Цель исследования: Определить носительство аллельных вариантов полиморфного маркера 4G(-675)5G гена PAI-1 среди мужчин больных ИБС с другими факторами риска.

Материалы и методы: В ходе работы было обследовано 46 мужчин, в возрасте $56,4 \pm 6,61$ лет. В исследование включались пациенты с диагнозом стабильной стенокардией напряжения (ССН) II-III ФК, проходившие лечение в I-кардиологическом отделении ТМА. Анализ образцов ДНК по гену PAI-I (4G/5G) проводили путем мультиплексной и стандартной полимеразной цепной реакции и на термоциклерах CG-1-96 «Corbett Research» (Австралия) и 2720 «Applied Biosystems» (США), с использованием наборов ООО «Гено Технология». В качестве инструмента вычислений статистики использован пакет программ «OpenEpi 2009, Version 2.3».

Результаты исследования: Оказалось, что респонденты исследования помимо генетической предрасположенности имели управляемый фактор риска – курение. Поэтому, для дальнейшего анализа больные с ССН были разделены на две группы: курящие (1 группа) и не курящие (2 группа). Выявлено, что 45,7% (21/46) регулярно курили в течении 5 лет и больше, 54,3% (25/46) пациентов оказались некурящими. В 1-группе средний балл по тесту Фагестрема составил 6,19 баллов. В 1 группе больных по сравнению со 2 группой, носительство гомозиготного полиморфизма 4G/4G гена PAI-1 встречается чаще, 33,3% (7/21) и 20,0% (5/25) соответственно ($\chi^2=1.3$; $p=0,3$; OR=2.0; 95% CI: 0.53- 7.60). Так, генотип 4G/5G выявлен у курильщиков 9/21 (42,9%) и у некурящих 11/25 (44,0%) ($\chi^2=0.003$; $p=0.9$; OR=0.9; 95% CI: 0.29- 3.078). Носители «дикого» генотипа 5G/5G встречаются в 1группе из 21 у 5 (23,8%) и во 2 группе из 25 у 9 (36,0%). Частота генотипов гена PAI-1 контрольной группы составили: 4G/4G-22,7% , 4G/5G- 63,6% и 5G/5G-13,6%. Согласно рассчитанному коэффициенту соотношения шансов наличие неблагоприятного генотипа 4G/4G близка к статистически значимому увеличивает риск развития стенокардии в 2.3 раза ($\chi^2=2.5$; $p=0.1$; OR=2.3; 95% CI: 0.79-6.93). Обнаружение вышеуказанных носителей позволило проанализировать наличие частоты приступов стенокардии у данных пациентов, что составило 32.0%.

Заключение: Таким образом, у носителей неблагоприятного аллеля 4G с наличием фактора курения выявлено увеличенное число приступов стенокардии и усугубление течения ИБС по сравнению с не курящими. Обнаружена выраженная тенденция к различию в распределении частот аллелей и генотипов данного полиморфизма в изученных группе и подгруппах больных и популяционной выборке.

РЕГУЛЯЦИЯ НИТРАТРЕДУКТАЗНОЙ АКТИВНОСТИ

Никитина Е.В., Камбурова В. С., Адылова А. Т., Убайдуллаева Х.,

Абдурахмонов И. Ю.

Ассимиляция нитратов и транспортировка их в тканях растений физиологический процесс, обусловленный видовыми и биологическими особенностями растений. Первым ферментом на пути восстановления нитратов до аммиака является нитратредуктаза (НР). НР – один из наиболее известных ключевых молибдоферментов. У высших растений она представляет собой гомодимерный фермент, каждая субъединица которого (около 100 кДа) состоит из трех доменов, ковалентно связанных с кофакторами – FAD, цитохром b557 и Мосо [1]. Ее активность определяет скорость ассимиляции неорганического азота растением и оказывает значительное влияние на весь азотный метаболизм, так как НР катализирует перенос двух электронов от НАД(Ф)Н, превращая в цитозоле нитраты в нитриты [2]. Именно активность этого субстратиндуцибельного фермента определяет накопление азота в растениях. Отметим, что усвоение нитратов растениями подвержено влиянию внешних факторов среды: условия питания растений, освещённость, рН почвенной среды, температура, концентрация солей в питательной среде. В зависимости от того, какой орган главенствует в процессе усвоения нитратов растения делятся на три группы: представители первой группы корни характеризуются высокой активностью нитратредуктазы, во второй наблюдается низкая скорость восстановления нитратов в этом органе, растения третьей группы корни и листья принимают одинаковое участие в редукции нитратов.

НР регулируется на различных уровнях. Первый уровень это экспрессия соответствующих генов, что позволяет регулировать уровень нитратредуктазного белка в клетке. Второй уровень это регуляция активности фермента в клетке за счёт обратимого фосфорилирования, посттрансляционная регуляция нитратредуктазы позволяет очень быстро изменять активность фермента в клетке [3]. В отсутствие нитрата нитрат редуктазная активность (НРА) поддерживается на крайне низком стационарном уровне, индуцируется также освещённостью и сигналами гормональной природы, прежде всего цитокининами. У разных видов растений НРА в корнях и побегах сильно варьирует. Так, у злаковых растений $\frac{2}{3}$ нитратов ассимилируется в надземных органах и только $\frac{1}{3}$ - восстанавливается в корнях. Хлопчатник так же относится к группе растений, у которых НРА в корнях низкая и восстановление нитрата идет в основном в листьях [4]. Любое изменение внешних условий отражается на показателях НРА. Действие различных стресс-факторов на регуляцию НРА на посттрансляционном уровне в настоящее время привлекает внимание многих исследователей. Во многом это определяется ее чрезвычайной лабильностью. Особенно сильно НРА подавляется в условиях экстремальных температур, жесткого водного дефицита, засоления и ряда факторов антропогенного происхождения. Предполагается, что падение НРА в ответ на то или иное повреждающее действие является адаптивной реакцией растений, направленной на экономию энергетических и структурных ресурсов, а также на предотвращение возможного «аммиачного отравления». Механизмы «отключения» процесса ассимиляции неорганического азота при стрессе в настоящее время изучены недостаточно. Еще меньше исследованы механизмы регуляции экспрессии генов НР в стрессовых условиях. Поэтому в настоящее время в значительной степени остается открытым вопрос о механизмах регуляции экспрессии генов НР у растений в условиях стресса.

Campbell W.H. Structure and function of eukaryotic NAD(P)H: nitrate reductase.// Cell. Mol. Life Sci., 2001, Vol. 58, pp. 194–204.

Meyer Ch., Gonneau M., Caboche M., Rouzr P. Identification by mutational analysis of four critical residues in the molybdenum cofactor domain of eukaryotic nitrate reductase.// FEBS Letters, 1995, Vol. 370, pp. 197-202.

Kaiser W.M, Huber S.C. Post-translational regulation of nitrate reductase: mechanism, physiological relevance and environmental triggers // J. Exp. Bot., 2001, Vol. 52, pp. 1981-1989.

Radin J. Differential Regulation of Nitrate Reductase Induction in Roots and Shoots of Cotton Plants.// Plant Physiol. 1975, Vol. 55, pp.178-182.

АНАЛИЗ БЕЗОПАСНОСТИ ПРОДУКЦИЙ ГМО

Никитина Е.В., Мамаджанов А., Имамходжаева А.С.

Центр геномики и биоинформатики АН РУз

111215, Ташкентская обл., Кибрайский район, ул. Университетская, д. 2

gmo.unit@genomics.uz

Присутствие чужеродных генов в геноме биотехнологических культур являются ключевыми направлениями биологических исследований. В последние годы значительное внимание ученых было направлено на разработку надежных методов обнаружения ГМ и вопросы деградации ДНК пищевых продуктах после термической и химической обработки. Определение ГМО возможно только при экстракции достаточного для анализа количества ДНК из продукта. Однако, как известно, ДНК довольно неустойчива, разрушается и теряется, когда пищевые продукты проходят процессы обработки (очищение и рафинирование масла, термическая и химическая, физическая, механическая обработка, обработка давлением, рН) [1]. Денатурирующими агентами являются высокая температура (выше 80°C), радиация, ультрафиолетовое излучение, изменение рН и ионной силы раствора, тяжелые металлы, механические воздействия, силосование кормов, ферментативное разложение. Причем для каждого вида ДНК характерен свой температурный диапазон, при котором происходит разделение цепей ДНК. Таким образом, готовый к употреблению пищевой продукт после обработки, по содержанию ДНК далек от изначального сырья. Имеется множество работ, указывающих на то, что повышенная температура и давление являются дестабилизирующими факторами, влияющими на изменение структуры ДНК, что значительно уменьшает количество экстрагированной ДНК, делает невозможным процесс ПЦР-анализа и в результате количественные показатели ГМ будут ненадежны [2]. Как утверждает исследованиями, наблюдается прямая корреляция между температурой и степенью деградации ДНК. Консервирование кормов путем силосования и некоторыми другими методами также может вызывать значительное фрагментирование ДНК.

В настоящее время потребление животными кормов, произведенных с помощью генной инженерии (GE) составляет от 70 до 90% биомассы растений во всем мире. Поэтому судьба ДНК, вернее процессов, которые происходят в пищеварительном тракте животных с потребляемыми в пищу тканями трансгенных и обычных растений, тщательно изучается. Вполне очевидно, что в желудочно-

кишечном тракте белки и ДНК подвергаются действию пищеварительных ферментов. В результате этого ДНК расщепляется на фрагменты и отдельные нуклеотиды, а белки – на полипептиды, пептиды и аминокислоты. Изучены и проанализированы более 300 научных трудов последних лет, посвященных влиянию вскармливания животных ГМ кормом и судьбе ДНК в организме животных. Исследованиями показана полная деградация ДНК в процессе пищеварения в течение 42 часов [3]. По итогам экспериментов по использованию ГМ-культур, не наблюдалось ни одного случая встраивания ДНК из сырья кормов в геном животных. Ни в результате орального употребления, ни в результате инъекций, не было выявлено негативного влияния продуктов из ГМ-культур на здоровье человека и домашнего скота [4].

Использованная литература

- Telmo J.R., Costa J., Plácido A., Villa C., Grazina L., Meira L., Oliveira B., Mafra I. Genetically Modified Organism Analysis as Affected by DNA Degradation.// in book: Genetically Modified Organisms in Food - Production, Safety, Regulation and Public Health.// Publisher: Elsevier, Editors: Ronald Ross Watson, Victor R. Preedy, 2015, pp.111-118
- Gryson N. Effect of food processing on plant DNA degradation and PCR-based GMO analysis: a review.// Analytical and Bioanalytical Chemistry, 2010, № 396, pp. 2003–2022.
- Blair R., Regenstein J. Genetic Modification and Food Quality: A Down to Earth Analysis.// John Wiley and Sons, 2015, 288 p.
- Novel Food and Feed Safety Assessment of Foods and Feeds Derived from Transgenic Crops.// Publishing OECD, 2015, 300 p.

РНК И ТЕХНОЛОГИЯ СИ ОРҚАЛИ *IN PLANTA* ТРАНСФОРМАЦИЯСИ ДАН ФЙДАЛАНИБ, БУҒДОЙНИНГ (*TRITICUM AESTIVUM*) ЯНГИ ЛИНИЯЛАРИНИ ОЛИШ

Резаева Б.Р., Буриев З.Т., Убайдуллаева Х.А., Рахманов Б.К, Омаров С.А.
Маматқулова Ш.Х., Абдурахмонов И.Ю.

ЎзР ФА, Геномика ва биоинформатика маркази
111215, Ўзбекистон, Тошкент вил., Қибрай тум., Университет кўч., 2-уй.

Бугунги кунда бошоқли ўсимликлар озиқ-овқат маҳсулотларининг 50% ни ташкил этади. Шулар жумласидан, буғдой Ўзбекистонда энг кўп етиштириладиган муҳим бошоқли ўсимликлардан бири ҳисобланади. Буғдой ўсимлиги (*Triticum ssp.*) дунёда энг муҳим ва катта майдонларда етиштириладиган асосий қишлоқ хўжалиги экини ва инсон озиқ-овқат манбаи ҳисобланиб, биз истеъмол қиладиган озиқ-овқат калориясининг 21%ни ташкил этади. Бироқ, ҳар йили турли биотик ва абиотик стресслар, иқлим ўзгаришлари, ҳамда зарарли ўсимлик микроорганизмлари туфайли экин майдонларидаги буғдой ҳосилининг катта қисми нобуд бўлмоқда.

Шу сабабли, бугунги кунда олимлар ва селекционерлар ген муҳандислиги ва биотехнологик ёндашувлар орқали буғдойнинг ўсимлик патогенларига, турли стрессларга чидамли навларини яратишда янги стратегиялар ишлаб чиқилмоқда. Биз олиб бораётган тажрибаларимизда буғдойнинг маҳаллий навларида уларнинг қатор қимматли белгиларини такомиллаштириш, яъни буғдой генини кичик интерференцияланувчи РНК (РНКи) дуплекслари ёрдамида “ўчириш”

технологиясидан фойдаланиб, буғдойнинг ривожланиши ва ҳосилига турли салбий таъсир қилувчи генларини нокаут қилиш орқали буғдойни занг касаллигига чидамли ва ун сифати яхшиланган ҳосилдор буғдой навларини яратиш устида илмий тадқиқотлар олиб борилмоқда.

Бунинг учун буғдойнинг маҳаллий масалан Бардош, Бунёдкор каби навларига сариқ занг замбуруғ спораларининг кўпайишида муҳим роль ўйнайдиган ҳамда ун сифатига салбий таъсир этувчи глютинин генларини фаолиятини сусайтириш учун РНК интерференция технологияси асосида генетик конструкциялар тузилди. Бу технология асосида тузилган генетик конструкциялар, *Agrobacterium tumefaciens* бактериясидан фойдаланиш орқали *in planta* трансформация усулини қўллаб, генетик бойитилган ўсимлик олинди. Чунки, бу *in planta* трансформация усули орқали қисқа вақт ва кам ҳаражат эвазига бошқа усулларга қараганда самаралироқ натижаларга эришиш мумкин. Буғдой каби бошоқли ўсимликларга Т-ДНКни ўтказишда, уларнинг апикал меристема хўжайралари асосли турғун трансформация учун муваффақиятли нишон ҳисобланади. Шу сабабли, биз тадқиқотларимизда трансформация учун буғдойнинг бир кунлик ўсган апикал меристемаларидан фойдаландик.

Ҳозирда буғдойнинг олинган трансформант ўсимликлари устида тўлиқ молекуляр таҳлиллар олиб борилмоқда. Хулоса ўрнида шуни айтиш мумкинки, илмий тадқиқотларимизда қўлланилаётган РНКи технологияси қишлоқ хўжалигида аҳмамиятга эга бўлган серҳосил ва турли патогенларга ҳамда стрессларга чидамли янги биотехнологик линияларни яратиш имконини беради.

ДЎЗАНИНГ ҚОРА ИЛДИЗ ЧИРИШ (*THIELAVIOPSIS BASICOLA*) КАСАЛЛИГИГА ЧИГИТДАГИ УМУМИЙ ВА (+)-ГОССИПОЛ МИҚДОРЛАРИНИ ТАЪСИРИ

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

Пахта селекцияси, уруғчилиги ва етиштириш агротехнологиялари ИТИ
Тошкент вилояти, Қибрай тумани, Салар, Университет кўчаси
paxtauz@mail.ru

Thielaviopsis basicola дейтеромицетлар синфига оид замбуруғ қўзғатадиган касаллик бўлиб, асосий аломати – ўрта ва ингичка толали ғўза ниҳолларининг илдизларида пўстлоқ чириши ва ўсимлик сўлиши билан таърифланади.

Далаларда ўсаётган касалликка мойил ўсимликларнинг йўқлигида замбуруғ артроспоралари «фунгистазис» ҳодисаси мавжудлиги туфайли, тупроқда ўсмасдан бир ёки кўп йиллар давомида сақланади. Касалликка чалинишга мойил экин тури экилгач, ниҳоллар илдизларидан чиқарадиган органик моддалар фунгистазисни бузади ва замбуруғ споралари уйғониб, ўсишни бошлайди ва ниҳолларни зарарлайди. Қора илдиз чириш касаллигининг Марказий Осиёда ингичка толали ғўзада тарқалиши баъзи йиллари 70-80 фоизга етганлиги кузатилган. Шу сабабдан ғўзанинг *Thielaviopsis basicola* касаллигига бардошли бўлган навлар яратиш борасида кўплаб олимлар изланишлар олиб боришган ва бу борадаги ишлар доимий долзарб ҳисобланиб келган.

Мазкур мақола юқоридаги долзарб муаммолар ечимига қаратилган бўлиб, *Thielaviopsis basicola* касаллигига ғўзанинг чигити таркибидаги умумий ва (+)-

госсипол миқдорларини таъсирини ўрганиш натижалари таҳлил қилинган. Тадқиқотлар Пахта селекцияси, уруғчилиги ва етиштириш агротехнологиялари илмий-тадқиқот институтида олиб борилди. Олинган натижалар Б.А.Доспехов бўйича статистик таҳлилдан ўтказилди.

Thielaviopsis basicola касаллигига бардошлилигини таҳлил қиладиган бўлсак, ота-она нав ва намуналарининг ниҳоллари 20 кунлигида касалланиш даражаси ўрганилганда, С-6524 нави нисбатан бардошлиликни намоён қилди, яъни 12,0 % касаланди ва аксинча С-6532 нави эса кучли даражада 39,6% касалланганлиги кузатилди. Ниҳолларнинг 40 кунлигида ҳам С-6524 нави нисбатан кам (28,0 %) касалланди, ВС3S1-47-8-1-17(№-3) намунаси эса кучли даражада (49,5%) касалланганлиги кузатилди. Олинган натижалардан кўриниб турибдики, С-6524 навининг чигитидаги умумий ва (+)-госсипол миқдори бошқа нав ва намуналарга нисбатан касалликка бардошли эканлиги аниқланди.

Ота-она нав ва намуналари иштирокида олинган дурагайларнинг касалланиш даражаси таҳлил қилинганда, чигит таркибида (+)-госсипол юқори дурагайлар ниҳолларининг 20 ва 40 кунлигида F3 ВС3S1-47-8-1-17 хС-6524 дурагай нисбатан (18,6-32,1%) бардошлиликни намоён қилган бўлса, F3 ВС3S1-1-6-3-15хС-6532 дурагай эса юқори даражада (46,7-69,7%) касалланганлиги аниқланди. Чигити таркибида (+)-госсипол паст дурагайлар орасида ниҳолларнинг 20 ва 40 кунлигида F3 ВС3S1-47-8-1-17хС-6524 дурагай (19,6-33,3%) бошқа дурагайларга нисбатан паст даражада касалланган бўлса, F3 ВС3S1-47-8-1-17хС-6532 дурагай эса юқори даражада (37,7-56,6%) касалланганлиги аниқланди.

Чигити таркибида умумий госсипол миқдори юқори бўлган дурагайлар умумий госсиполи паст бўлган дурагайларга нисбатан оралиқ ҳолда касалланганлиги кузатилди. Олинган натижалар асосида дурагайларнинг (*Thielaviopsis basicola*) қора илдиз чиришга бардошлилиги бўйича қуйидаги хулосаларга келиш мумкин;

F3 ВС3S1-47-8-1-17 х С-6524 дурагай бошқа дурагайларга нисбатан (*Thielaviopsis basicola*) қора илдиз чиришга бардошли эканлиги аниқланди, ғўзада (*Thielaviopsis basicola*) қора илдиз чиришга бардошлилиги ота-она шакллариининг генотипига боғлиқ ҳолда ирсийланиши аниқланди ва умумий госсипол миқдори юқори бўлган дурагайлар умумий госсиполи паст бўлган дурагайларга нисбатан оралиқ ҳолда касалланганлиги аниқланди.

ОПРЕДЕЛЕНИЕ ЧАСТОТЫ ВСТРЕЧАЕМОСТИ I И II ГЕНОТИПОВ ЛОКАЛЬНЫХ ШТАММОВ *HELICOBACTER PYLORI*

Рыскулов Ф.Т., Арипова Т.У., Хасанова Л.Н., Поляруш С.В.

Республиканский научный центр Иммунологии Министерства Здравоохранения РУз
100060, г. Ташкент, ул. Я. Гулямова, 74.

Хеликобактериоз - инфекционное заболевание желудочно-кишечного тракта, вызываемое хеликобактерией - *Helicobacter pylori*. Данная бактерия является этиологическим фактором возникновения таких заболеваний как гастрит, язвенная болезнь, дуоденит, а в некоторых случаях приводит к новообразованиям.

Одним из наиболее перспективных методов определения хеликобактериоза и, одновременно, для выявления генотип - специфических антигенов, является иммуноблоттинговый метод, который является высокочувствительным и высокоспецифичным методом выявления различных инфекций и широко распространен в европейской клинической практике. С помощью иммуноблота можно определить как качественное, так и количественное содержание патоген-специфических антигенов.

Нами были подобраны условия получения белковых лизатов из копрологических образцов пациентов, позволяющие получить антигенные фракции *H.pylori* в достаточном количестве и в нативном состоянии для выполнения иммуноблоттинга, а также проведен анализ на выявление генотип-специфических антигенов хеликобактерии среди местных пациентов с заболеваниями желудочно-кишечного тракта (ЖКТ).

Было проанализировано 350 копрологических образцов, собранных от пациентов различных клинических групп и разного возраста с воспалительными заболеваниями ЖКТ в анамнезе. С этой целью были получены белковые лизаты стоковой концентрации 20мкг/мкл, которые и были в последующем использованы для иммуноблоттинга. Антигенные фракции разделяли в ПААГ. Перенос антигенных фракций вели на трансблоттере согласно стандартной процедуре. В качестве первых иммунореактивных антител использовали мышинные антитела к следующим антигенам фракций хеликобактерии: *cag*, *vac*, *fla*, *ure* – антигенам. В качестве вторых антител были анти-мышинные антитела крыс конъюгированные с щелочной фосфатазой. Образованный иммунный комплекс проявляли хромогенным субстратом BCIP/NBT из набора WesternBreeze Chromogenic western blot immunodetection kit (Invitrogen). На основании присутствия или отсутствия хромогенных полос на мембране иммуноблота регистрировали наличие хеликобактериоза.

Известно, что рост числа клеток *H.pylori* коррелирует с продукцией антигенов. На основании иммуноблоттинга были выявлены специфические антигены *H.pylori* в 272 образцах. Наиболее распространенными антигенами среди локальных штаммов *H.pylori* явились антигены *cagA* (2,6% случаев), *vacA* (2,9 % случаев), *flaB* (35,6% случаев), *ureB* (58,9 % случаев). Следует отметить, что *cagA* и *vacA* - антигены характерны для штаммов хеликобактерий I-го генотипа. Согласно клиническим и литературным данным I-ый генотип является наиболее агрессивным генотипом *H.pylori* с повышенной экспрессией *vacA* и *cagA* - антигенов (литические ферменты вызывающие изъязвления слизистой ЖКТ). В то время как II-ой генотип

относится к менее агрессивному генотипу с повышенной экспрессией *flab* и *ureB* – антигенов.

Результаты по генотипированию штаммов *H. pylori* позволяют спрогнозировать не только эпидемиологические показатели заболеваний, ассоциированных с *H. pylori*-инфекцией, но и предсказать их динамику в результате лечения, поскольку с помощью количественной оценки иммуоблоттингового анализа можно определить стадию течения заболевания и эффективность антибактериальной терапии.

СЕКВЕНИРОВАНИЕ ГЕНА В-ГЛОБИНА ДЛЯ ПРЕНАТАЛЬНОЙ ДИАГНОСТИКИ В-ТАЛАССЕМИИ В УЗБЕКИСТАНЕ.

¹Саломашкина В.В., ²Каримов Х.Я., ¹Демидова Е.Ю., ²Бобоев К.Т.,
¹Сурин В.Л.

Гематологический научный центр, Министерства здравоохранения РФ
-НИИ гематологии и переливания крови МЗ РУз

β -талассемия является аутомсомным заболеванием с рецессивным типом наследования и обусловлена мутациями в гене β -глобина. В настоящее время проведена оценка распространенности β -талассемии и определены спектры мутаций в гене β -глобина для большинства регионов затронутых этим заболеванием. Частота β -талассемии в республике изучалась выборочно по отдельным областям. Установлен мозаичный характер распространения β -талассемии в различных регионах и среди разных обследованных этнических групп населения.

Однако, молекулярные исследования (включая и пренатальную диагностику), основанные на определении собственно талассемических мутаций, в Узбекистане до сих пор не проводились.

Цель работы: проведение пренатальной диагностики на ранних сроках беременности в семье с β -талассемией.

Материалы и методы. Объект исследования — семья с β -талассемией в двух поколениях. Проведение пренатальной ДНК-диагностики проводилось согласно диагностическим критериям для данной патологии. В качестве биологического материала была использована геномная ДНК, выделенная из лейкоцитов периферической крови или ворсин хориона методом фенол-хлороформной экстракции. Образцы ДНК пробанда (больной с β -талассемией), его родителей и плода были протестированы на наличие мутаций при помощи секвенирования по методу Сэнгера (3500 Genetic Analyzer (Applied Biosystems)) всех функционально важных участков гена бета-глобина. Ген бета-глобина амплифицировали в виде 2-х фрагментов, один из которых содержал промоторную область и два первых экзона, а другой – экзон 3, энхансер и сигнал полиаденилирования.

Результаты. Проведенная молекулярно-генетическая диагностика показала, что мать пробанда является гетерозиготной носительницей $\beta(0)$ талассемической мутации CD82/83 delG, а отец - гетерозиготным носителем $\beta(0)$ – талассемической мутации CD8/9 insG. Первая из этих двух мутаций относится к редким, впервые была обнаружена в Азербайджане (Schwartz et al, 1989) и впоследствии найдена в Чехии, Хорватии и Арабских Эмиратах. Мутация CD8/9 insG широко распространена в странах Азии, преимущественно в Пакистане, Иране и Индии. Пробанд оказался

компаундом, несущим обе родительские мутации. На основании полученных данных у матери больного проведена пренатальная ДНК-диагностика пола плода и его статуса относительно талассемии. Пол плода определяли с использованием X\Y-специфических маркеров SmcX\Y и ZfX\Y. Анализ хорионной ДНК показал, что плод–мальчик, не являющийся носителем ни одной из родительских мутаций.

Заключение. Так как Узбекистан относится к зонам эндемичным по β -талассемии, изучение спектра мутаций, определение гетерозиготного носительства и в последующем проведение пренатальной ДНК-диагностики плода несомненно являются весьма актуальными.

ИЗУЧЕНИЕ ПОЛИМОРФИЗМА ГЕНА ТИРОЗИНАЗЫ-TYR И ЕГО АССОЦИАЦИИ С РИСКОМ РАЗВИТИЯ ВИТИЛИГО

Саатов Б.Т., Каримов Х.Я., Ибрагимов З.З., Саатов Т.С., Бобоев К.Т

Республиканский специализированный научно-практический
медицинский центр дерматологии и венерологии МЗ РУз,
Институт биоорганической химии АН РУз.
НИИ Гематологии и Переливания крови МЗ РУз.
100125, Узбекистан, г.Ташкент, ул. Мирзо Улугбека, 83
t.saatov@yandex.ru

Витилиго-это часто встречающееся заболевание кожи человека, характеризующиеся отсутствием или недостаточной степенью выработки пигмента меланина вследствие исчезновения или нарушения функциональной деятельности меланоцитов. Витилиго внешне проявляется в появлении на коже белых пятен различной формы и размеров, имеющих тенденцию к периферическому росту. В последние годы отмечается интенсивный рост числа больных витилиго, особенно среди детей, молодежи и лиц трудоспособного возраста. Несмотря на это, все ещё многие вопросы этиопатогенеза витилиго остаются нерешенными, а методы лечения несовершенными. В связи с этим изучение молекулярных механизмов возникновения и развития витилиго и на основе полученных результатов разработка новых подходов его патогенетической терапии является актуальной задачей современной медико-биологической науки.

Целью данной работы является исследование роли и места генетических нарушений в патогенезе витилиго. Изучен ген TYR-кодирующий тирозиназу и являющаяся ферментом меланоцитов. Тирозиназа катализирует превращения аминокислоты тирозина в пигмент меланин. Следует отметить, что в литературе данных о гене TYR и связи его полиморфизма с риском развития витилиго крайне мало. Имеются лишь единичные исследования по данной проблеме, тем не менее их результаты являются противоречивыми. Мы изучали связь между полиморфизмом rs 1393350 гена TYR и предрасположенностью к риску развития витилиго.

Проведен сравнительный анализ частот встречаемости аллелей и генотипов полиморфизма гена TYR у больных витилиго и контрольной группе. Показано, что частота встречаемости неблагоприятного, мутантного аллеля А полиморфизма гена TYR была значительно больше в группе больных витилиго, чем среди лиц контрольной группы. Наши исследования по частотному распределению генотипов полиморфизма rs 1393350 гена TYR в группе больных витилиго установили наличие

в достаточно высоком уровне мутантного генотипа А/А, а также неблагоприятного генотипа G/A, Эти данные позволяют заключить, что генотипы А/А, G/A, а также аллель А могут служить генетическими маркерами риска развития витилиго в узбекской выборке. Кроме того эти данные достоверно свидетельствуют о наличии ассоциации между носительством генотипов G/A, и А/А, а также аллеля А и риском развития витилиго.

ИЗУЧЕНИЕ АССОЦИАЦИИ ПОЛИМОРФИЗМА G308A ГЕНА TNF- α С РАЗВИТИЕМ ИНСУЛИНОРЕЗИСТЕНТНОСТИ

Саатов Т.С., Иргашева С.У., Ибрагимов З.З., Мустафакулов М.А., Ибрагимова Э.А.

Институт биоорганической химии АН РУз.
НИИ Гематологии и Переливания крови МЗ РУз.
100125, Узбекистан, г.Ташкент, ул. Мирзо Улугбека, 83
t.saatov@yandex.ru

Инсулинорезистентность является предиктором и инициатором возникновения сахарного диабета II типа и его тяжелых осложнений.

В последние годы интенсивно изучается роль цитокина TNF- α в патогенезе сахарного диабета. Установлено, что TNF- α является одним из ключевых факторов возникновения и прогрессирования инсулинорезистентности. Этот цитокин блокирует сигнальный путь инсулина и тормозит экспрессию гена внутриклеточного переносчика глюкозы-ГЛЮТ-4 в тканях организма. Показано, что полиморфный маркер гена TNF- α , характеризующийся заменой гуанина-G на аденозин-A в положении 308, ведет к повышению концентрации провоспалительного цитокина TNF- α в крови. Носитель А аллеля гена TNF- α рассматривается как прогностически неблагоприятный фактор развития нарушений толерантности к глюкозе, сахарному диабету 2 типа и других проявлений синдрома инсулинорезистентности.

Цель работы. Изучение полиморфизма G308A гена TNF- α у больных сахарным диабетом 2 типа.

Материалы и методы. Проведен сбор биоматериалов, полученных у больных сахарным диабетом, находящихся на стационарном лечении в РСНПМЦ Эндокринологии МЗ РУз. Исследование проводилось на образцах ДНК 24 больных сахарным диабетом и 41 условно здоровых доноров с нормальными показателями уровня сахара и без признаков сахарного диабета в анамнезе. ДНК выделяли из венозной крови с использованием набора ДНК-сорб (AmpliSens®, Россия). Концентрацию и чистоту выделенной ДНК определяли на приборе NanoDrop 2000 (США). Генотипирование полиморфизма проводилось методом стандартного ПЦР-анализа на термоциклере Applied Biosystems-2720 (США) с использованием набора «Литех» (Москва), согласно инструкции производителей. Статистическую обработку результатов исследования проводили с использованием пакетов статистических программ «Doctor Stat 2013, Version 1.9».

Результаты. Частота неблагоприятного аллеля *А данного полиморфизма оказалась выше у пациентов с сахарный диабетом по сравнению со здоровыми добровольцами – 15% и 4,9% соответственно, однако такое различие не достигло уровня статистической значимости ($\chi^2= 1,28$; $p= 0,26$; OR= 2,17; CI: 0,55 – 8,48). Частоты

встречаемости генотипов G/G, G/A и A/A в группе больных СД составили 85%, 15% и 0%, в группе контроля 90,2%, 9,8% и 0 %, соответственно. Гомозиготный по редкому аллелю генотип A/A в обеих исследованных группах не был выявлен. Однако из-за малого количества обследованных групп такое различие также оказалось статистически незначимым ($\chi^2= 1,38$; $p= 0,5$; $OR= 2,31$; $CI 0,56 - 9,59$).

Выводы. Частота встречаемости мутантного аллеля *A в гене TNF- α в 2 раза выше у больных сахарным диабетом. Эти данные указывают на определенную роль полиморфизма G308A гена TNF- α в патогенезе сахарного диабета.

ЎЗНИНГ УАК-ПОПУЛЯЦИЯСИ ОТА-ОНА ГЕНОТИПЛАРИ ТОЛА НАМУНАЛАРИНИНГ СТАТИСТИК ТАҲЛИЛИ

Тураев О.С., Хусенов Н.Н., Дарманов М.М., Макамов А.Х., Зупарова Д.М.,
Юлдашева Н.З., Кушанов Ф.Н., Абдурахмонов И.Ю.

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

ЎзР ФА Геномика ва биоинформатика маркази олимлари томонидан уяли ассоциатив карталаштириш (УАК) усули асосида гўзада миқдорий белгилари локусларини (QTL) карталаштириш мақсадида қимматли морфо-биологик хусусиятлари ҳамда ноёб QTL-аллеллари билан ҳарактерли 19 та линиялар ҳар бирини Наманган-77 маҳаллий нави билан ўзаро чатиштириш натижасида гўзанинг УАК-популяцияси яратилган бўлиб, ҳозирги кунда уч мингдан ортиқ рекомбинант инбред линиялари (РИЛ) мавжуд. QTL-локусларини молекуляр карталаштириш учун эса УАК стратегиясига кўра энг аввало ота-она генотиплари фенотипик ҳамда генотипик жиҳатдан мукамал ўрганилиши талаб этилади. Ушбу тадқиқотдан кўзланган асосий мақсад УАК-популяцияси ота-она генотиплари тола сифат кўрсаткичларини статистик таҳлил қилишдан иборат.

Тадқиқот намуналари тола сифати кўрсаткичлари HVI (High Volume Instrument) тизимида таҳлил қилинди. Олинган таҳлил натижаларига кўра УАК-популяцияси учун умумий она генотип сифатида фойдаланилган Наманган-77 навида толанинг асосий кўрсаткичларидан бири бўлган узунлик белгиси 1,05 дюймни ташкил этди. Шунингдек, L-141, Занги-Ота ва L-N1 донор генотипларида бу кўрсаткич энг юқори эканлиги аниқланди (1,25, 1,24 ва 1,22 дюйм). Толанинг пишиқлик белгиси бўйича донор (L-N1) генотида бу параметр 41,7 гс/текс эканлиги кузатилди. Наманган-77 навида тола пишиқлиги 25,9 гс/тексни ташкил этди.

УАК-популяцияси ота-она генотиплари тола сифат белгиларининг турғунлик даражасини ўрганиш мақсадида икки йиллик маълумотлар асосида GLM (General Linear Model – умумий чизиқли модел) моделидан фойдаланиб статистик таҳлил ўтказилди. Бундан ташқари, ота-она генотипларида бир омилли дисперсион таҳлил (One-Way Analysis of Variance) асосида асосий тола сифат белгилари бир-биридан қай даражада фарқланиши ўрганилди.

Икки йиллик маълумотлар асосида қилинган статистик таҳлил натижалари УАК-популяцияси ота-она генотипларининг ҳар бири тола сифат белгилари бўйича стабил эканлигини кўрсатди. Шунингдек, ҳар бир генотип ушбу белгилар бўйича

бир-биридан кескин фарқ қилиши аниқланди. Бу эса УАК-популяциясини яратишда ота-она генотипларининг тўғри танланганлигидан, яратилган РИЛнинг генетик жиҳатдан хилма-хиллигидан ҳамда келажакда ушбу РИЛлар ёрдамида ғўзанинг селекция учун аҳамиятли белгиларини молекуляр карталаштириш учун популяциянинг қимматли манба эканлигидан далолат беради.

УАК ПОПУЛЯЦИЯСИ (НАМАНГАН-77XL-N1) КОМБИНАЦИЯСИДА ТОЛА ПИШИҚЛИГИ ЛОКУСЛАРИНИ МОЛЕКУЛЯР КАРТАЛАШТИРИШ

Тураев О.С., Макамов А.Х., Дарманов М.М., Х.Н. Аллаяров, Холмурадова М.М.,
Туланов А.А., Кушанов Ф.Н., Абдурахмонов И.Ю.

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

Ғўза (*Gossypium spp.*), дунё бўйича толаси учун етиштириладиган экин бўлиб, тола сифатини яхшилаш ғўза селекционерларининг бош мақсади саналади. Шу мақсадда, бугунги кунда тола сифатини белгиловчи кўрсаткичларни молекуляр жиҳатдан чуқурроқ тадқиқ этиш ва уларни бошқаришда иштирок этувчи QTL локусларини молекуляр карталаштириш жадаллик билан ривожланмоқда.

Олдинги тадқиқотларимизда маълум қилганимиздек, ЎзР ФА Геномика ва биоинформатика марказида ғўзанинг *G.hirsutum L.* турида кўп ота-она генотиплар асосида УАК (уяли ассоциатив карталаштириш) популяцияси яратилган. Ҳозирда УАК популяциясининг 19 та комбинацияси рекомбинант инбред линиялари кўлга киритилган бўлиб, мазкур комбинациялар ичидан толанинг “пишиқлик” белгисини молекуляр карталаштириш учун Наманган-77xL-N1 комбинациясининг тўртинчи авлод (F4) ўсимликлари танлаб олинди. Ўсимликларнинг тола намуналари “СИФАТ” пахта толасини сертификатлаш марказининг HVI (High Volume Instrument) ускунасида таҳлил қилинди. HVI таҳлили натижаларига кўра ушбу комбинациянинг ота-она генотиплари Наманган-77 нави ва L-N1 линиясида тола пишиқлиги кўрсаткичи тегишли равишда 25,1 гс/текс ва 41,7 гс/тексни ташкил этиб, орасидаги фарқ 16,6 гс/текс эканлиги маълум бўлди. Бу эса уларнинг авлодларида мазкур белги бўйича кучли сегрегацияни намоён этди. F4 (Наманган-77xL-N1) комбинацияси тола пишиқлиги белгиси бўйича 28,5 гс/текс дан 40,1 гс/тексгача, ўртача 34,2 гс/тексни намоён этди.

Шунингдек, ота-она генотиплари ўртасидаги генетик хилма-хилликни аниқлаш мақсадида 700 дан ортиқ SSR маркерлари билан ПЗР скрининг қилинди. Таҳлил натижаларига кўра ота-она генотиплари ўртасида 355 та ДНК-маркери ўзаро мономорф ва 174 таси полиморф (генотипик жиҳатдан хилма-хил) эканлиги ҳамда 191 тасида амплификация жараёни юз бермаганлиги кузатилди.

Дурагай намуналарининг тола таҳлил натижалари ҳамда, генотипик маълумотларидан фойдаланиб QTL карталаштириш амалга оширилди. Дастлаб, генотипик маълумотлар асосида JoinMap дастуридан фойдаланиб бирикканлик гуруҳлари ҳосил қилинди.

Навбатдаги тадқиқотларимизда MapQTL дастуридан фойдаланиб тола сифатига ассоциация бўлган QTL идентификация қилинди. Тадқиқот натижаси шуни кўрсатдики 1-гуруҳда жойлашган NAU2140 молекуляр маркери билан

толанинг пишиқлиги белгиси ўртасида кучли ассоциация мавжудлиги аниқланди. Идентификация қилинган QTL-локусида ишончлилик даражаси (LOD балл) 2.6 га тенг эканлиги маълум бўлди. Бу эса аниқланган ДНК-маркерини MAS дастурида кенг фойдаланиш мумкинлигидан далолат беради.

Хулоса ўрнида шуни айтиш мумкинки, идентификация қилинган ДНК-маркерлари ҳамда тола пишиқлиги юқори бўлган РИЛ намуналари келгусида ғўза MAS дастурларида янги навлар яратиш учун хизмат қилади.

ҒЎЗАНИНГ УАК ПОПУЛЯЦИЯСИ КОМБИНАЦИЯСИДА ТОЛА ЧИҚИМИ ЛОКУСЛАРИНИ МОЛЕКУЛЯР КАРТАЛАШТИРИШ

Тураев О.С., Хусенов Н.Н., Дарманов М.М., Мақамов А.Х., Умедова М.Э.,
Сулаймонова И.Р., Кушанов Ф.Н., Абдурахмонов И.Ю.

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

Ўсимликларда миқдорий белгилар локусларини молекуляр карталаштиришда кўплаб усуллар ишлаб чиқилган бўлиб, ҳозирга қадар улардан фойдаланиб генетик карталар тузилмоқда. Шундай бўлсада, тадқиқотчилар олдида карталаштириш популяциялари билан боғлиқ бўлган, турли даражадаги мураккабликлар юзага келмоқда. Бу каби муаммоларни ҳал этишда кўп ота-она генотиплар асосида яратилган уяли ассоциатив карталаштириш (УАК) популяциясидан фойдаланиш ғўзада қимматли хўжалик белгиларни юқори аниқликда молекуляр карталаштириш имконини беради.

Ғўзада УАК-популяциясини яратиш мақсадида муҳим морфо-хўжалик белгилари ва ноёб QTL (Quantitative Trait Loci) аллеллари билан ҳарактерли 19 та хилма-хил генотиплар умумий она генотип сифатида танланган маҳаллий Наманган-77 нави билан чатиштирилиб, ҳозирда 19 та УАК популяциясининг 3079 та рекомбинант инбред линиялари олинган.

Яратилган УАК популяцияси ичидан F4(Наманган-77xL-N1) комбинацияси ўсимликлари тола чиқими локусларини молекуляр карталаштириш учун танлаб олинди. Тола чиқими Наманган-77 нави ҳамда L-N1 линияларида 34,2 % ва 29,3 % ташкил қилган бўлса, F4(Наманган-77xL-N1) дурагайларида бу кўрсаткич 26 % дан 36 % гача эканлиги аниқланди.

Ота-она генотиплари ўртасидаги генетик полиморфизмни аниқлаш мақсадида 720 та BNL, CIR, JESPR, TMB, NAU ва GH SSR маркерлари билан ПЗР скрининг қилинди. Тадқиқотлар натижасида, ота-она генотиплари ўртасида 355 та ДНК-маркери ўзаро мономорф ва 174 таси полиморф эканлиги ҳамда 191 та маркер бўйича ПЗР реакциясида амплификация юз бермаганлиги аниқланди.

Тола таҳлил натижалари ҳамда, генотипик маълумотлари асосида QTL карталаштириш амалга оширилди. Бирикканлик карталаштириш бўйича натижалар шуни кўрсатдики, 174 та маркердан 138 таси LOD=3.0 балл билан 19 та бирикканлик гуруҳларининг шаклланишида иштирок этди.

QTL-карталаштириш натижасида фақатгина 1-гуруҳда жойлашган маркерларнинг тола чиқими билан генетик ассоциацияланган QTL локуслари аниқланди. Ушбу бирикканлик гуруҳи ғўза геномини генетик карталаштиришга

йўналтирилган халқаро илмий мақолалар бўйича таҳлил қилинганда аниқланган маркерлар ғўзанинг 5-хромосомасига тўғри келиши маълум бўлди.

Аниқланган ушбу QTL-локусларида ишончлилик даражаси (LOD балл) 2.8 га тенг бўлиб, бу уларни MAC дастурида кенг фойдаланишда ва уларнинг барқарорлигини таъминлашда хизмат қилади.

Келгусида ғўзанинг қишлоқ хўжалиги учун муҳим бўлган қимматли белгилари юқори аниқликда QTL-карталаштирилади ҳамда улар билан бириккан генетик маркерлар идентификация қилинади. УАК-популяциясининг ўзи эса ғўза бўйича тадқиқот олиб боровчи олимлар учун қимматли хўжалик белгиларни молекуляр карталаштиришда ишончли манбаа бўлиб хизмат қилади.

СРАВНИТЕЛЬНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ СОСТАВА СВОБОДНЫХ АМИНОКИСЛОТ В ЛИСТЯХ ХЛОПЧАТНИКА «Т7-1_7», ПОЛУЧЕННОГО С ПОМОЩЬЮ ТЕХНОЛОГИИ РНК-ИНТЕРФЕРЕНЦИИ.

Убайдуллаева Х.А., Ишимов У.Ж., Рузибаев Х.С., Адылова А.Т.,
Абдурахмонов И.Ю.

Центр Геномики и биоинформатики АН РУз,
111215, Ташкентская обл., Кибрайский р-он, ул. Университетская -2.
hurshida_70@mail.ru

Исследование метаболомного профиля позволяет выявлять метаболиты, которые могут служить маркерами физиологических процессов растений. Более того, при различных экстремальных для растения условиях количественный и качественный состав свободных аминокислот изменяется, являясь ответом ткани на стресс-факторы.

С учетом роли свободных аминокислот в обменных и ростовых процессах, а также позитивном действии нокаута гена фитохрома А1 на азотный и углеродный метаболизм, было интересно посмотреть как супрессия гена фитохрома А1 отражается на качественном и количественном составе свободных аминокислот, что и явилось целью настоящего исследования.

Объектом исследования была ген-нокаутная линия хлопчатника «Т7-1_7», полученная путем трансформации линии Кокер-312 конструкцией, вызывающей супрессию гена фитохрома А1. Состав свободных аминокислот в листьях ген-нокаутных растений хлопчатника анализировали сравнительно с исходным (диким) генотипом Кокер-312, а также с «нуль сегрегантом», полученным из ген-нокаутных растений первого поколения в результате их сегрегации после самоопыления. Анализ и расчет концентрации исследуемых аминокислот мы проводили путем сравнения времени удерживания и площадей пиков стандартных и исследуемых фенилтиокарбамоильных (ФТК) - производных аминокислот. Эксперименты выполнены с использованием листьев 4-го яруса, выращенных в условиях теплицы под белыми люминесцентными лампами ЛД-40 при 25°C, в режиме 14 ч света/10 ч темноты. Состав аминокислот анализировали с помощью

обращенно – фазной высокоэффективной жидкостной хроматографией ФТК - производных с применением хроматографа Agilent 1200 (Agilent technology, США).

Состав свободных аминокислот тесно связан с процессами роста и развития, поскольку последние вызывают изменения в оттоке аминокислот из листа и их использование в синтезе белка. Изменения в составе свободных аминокислот могут быть связаны с процессом фотосинтеза, но могут явиться и результатом передвижения по растению, когда, например, аминокислоты поступают в листья из корней, где они образуются в значительных количествах и в большом разнообразии.

Как показали наши исследования, у ген-нокаутного хлопчатника на долю аланина, глутаминовой и аспарагиновой кислоты, а также их соответствующих амидов - глутамина и аспарагина приходится более половины (53,4%) от суммы всех аминокислот. Поэтому наблюдаемое в настоящей работе возрастание у «Т7-1_7» (по сравнению с Кокер- 312) содержания таких аминокислот, как аспарагиновая кислота (на 78%), глутаминовая кислота (на 8%), аспарагин (на 26%), глутамин (на 128,8%) и аланин (на 57,48%)) было вполне ожидаемым.

Наряду с этим у трансгенных форм наблюдается почти трех кратное (в 2,78 раза) повышение содержания валина и почти 4 кратное (в 3,88 раза) повышение содержания лизина HCl. Сопоставимое увеличение, а в случае фенилаланина и пролина - наоборот, уменьшение, уровня этих аминокислот обнаруживается и у «нуль сегреганта», что дает основание предполагать, что наблюдаемые изменения в концентрации лизина, валина, пролина и фенилаланина, скорее всего, не являются непосредственным эффектом введенной *PHYA1* RNAi конструкции, а спровоцированы другими процессами.

Что касается цистеина, треонина, аргинина, тирозина и триптофана, то у ген-нокаутной формы содержание этих аминокислот ниже, чем у Кокера-312, однако намного больше, чем у «нуль сегреганта». Убыль цистеина у «Т7-1_7» сократилась до 7,1% против существенного (на 61,4%) снижения этой аминокислоты у «нуль сегреганта». Падение содержания треонина у «Т7-1_7» составило 31,1% (против 59,2% - у «нуль сегреганта»), аргинина - 16,8% (против 61,9% - у «нуль сегреганта») и, наконец, содержание триптофана у «Т7-1_7» уменьшилось на 9,7% вместо 31,4%, имеющее место у «нуль сегреганта».

Таким образом, присутствие *PHYA1* RNAi конструкции в геноме ген-нокаутного растения, с одной стороны, нивелирует эффекты, спровоцированные, возможно, соматическим эмбриогенезом, поднимая содержание отдельных аминокислот до их уровня в нетрансформированном генотипе Кокер-312.

С другой, заметное повышение у линии «Т7-1_7» глутамина, аланина, аспарагина, глутаминовой и аспарагиновой кислот может быть позитивным вкладом в общую продуктивность ген-нокаутных форм хлопчатника, которую мы наблюдаем на практике.

TYPE-III SECRETION SYSTEM OF *BRADYRHIZOBIUM JAPONICUM*

Umarov B.R.¹, Alisher Abdullaev A.A.², Leviskaya Y.V.³, Sagdiev N.J.⁴.

¹Centre of Genomics and bioinformatics AS RUz,

²Institute of Genetics and Experimental Biology of Plant. AS RUz.

³Centre of the high technology Tashkent,

⁴Institute of Bioorganic Chemistry of AS RUz.

b.r.umarov@mail.ru

The rhizosphere is the soil environment that is directly influenced by the presence and activities of plant roots. This nutrient-rich ecosystem is characterized by higher microbial biomass and activity relative to the surrounding bulk soil. There is increasing evidence that microbial communities in the rhizosphere have direct and indirect effects on plant protection and productivity, however, the physiological characteristics of individual members of these communities and their role in plant microbe interactions is still not well understood. Rhizosphere competence is used to define physiological traits that allow plant root associated bacteria to effectively colonize root surfaces, compete for nutrients and propagate in the highly competitive rhizosphere environment. These traits include motility, biofilm formation, and secretion of plant polymer degrading enzymes and synthesis of secondary metabolites (Lugtenberg and Kamilova, 2009). It has been previously demonstrated that effective root colonization by certain rhizosphere bacteria can reduce pathogen interaction with plant roots, and stimulate plant defense systems, resulting in disease suppression. Culture dependent and independent analyses of root associated bacterial communities have determined that members of the Bacteroides phylum, especially those belonging to the Rhizobium genus, are often highly abundant in the rhizosphere of a wide array of plants, where they may comprise up to 20% of the total defined bacterial genera.

Bradyrhizobium japonicum is able to establish symbiosis with different legumes, such as soybean, *Vigna unguiculata* and *Macroptilium atropurpureum*. Symbiosis is influenced by a type-III secretion system (T3SS) to test whether the T3SS is expressed in early or late stages of symbiosis. We have found activity of the reporter in rhizosphere, as well as in completely designed nodule.

We are isolated nodule formed by bacteria *Rhizobium* from roots of plants of soybean, by means of 16s DNA is installed that these bacterias pertain to *Rhizobium* and is also was amplified the *NodC* genes which on program NCBI analysis have indicated that they are synthesize the primary proteins which participate in formation nodule in the roots of plants. We were has recived proteins of the squirrel from 10th day of inoculated plants, which interaction by Rhizobial bacteria and in future will be explored in our experiment.

Lugtenberg, B., and Kamilova, F. 2009. Plant growth promoting rhizobacteria. Annual Review of Microbiology 63:541556.

Krause et al. (2002). Mol. Plant-Microbe Interact. 15:1228-1235.

***BRADYRHIZOBIUM JAPONICUM* AND *SINORHIZOBIUM FREDII* STRAINS NODULATING OF GLYSINE MAX IN THE DIFFERENT REGIONS OF UZBEKISTAN**

Nitrogen fixation is a result of the symbiotic relationship of *Rhizobia* bacteria and soybean plants. These bacteria fix atmospheric N₂ into the NH₄ form which is useful to the plant. In return, the plant provides the bacteria with carbon photosynthesis products (dicarboxylic acids), which the bacteria use as food. Establishing rhizobia or inoculation in a field that has never grown soybean is needed to ensure nitrogen fixation. Elmore (1996) suggests when and how soybeans should be inoculated, and provides recommendations on inoculate type to use.

Soybeans grown on soils without a *rhizobia* population will use available soil nitrogen, and if soil nitrogen levels are low because of soil type, soil erosion, etc., the symptoms of nitrogen deficiency may occur. Field studies in the experienced station of the rice and legume plants showed 45% and 23% soybean yield increases in 2012 and 2013 where inoculants was used and fields had not seen a previous soybean crop. Soybean plant coloration differences were obvious in this study, as inoculated plots appeared much greener. On other parts sites with a history of soybean cropping, soybean seed inoculation increased yield by an average of 1.3 bushels, with significant increases at 6 of 14 sites from 2003 to 2005

In soils of Uzbekistan, but little is known about diversity of *Bradyrhizobium* strains nodulating Central Asian soybean genotypes. In this study *Bradyrhizobium* populations from territories in the experienced station of the rice and legume plants were sampled using from two cultivar of *Clyisine max* as trap-host plants. A total of 20 *rhizobial* strains were isolated and species were identified showing large prevalence of *Bradyrhizobium japonicum* and *Sinorhizobium fredii*. Analysis of salt tolerance demonstrated a great phenotypic diversity, while it did not show significant differences between groups of strains isolated from different sites and cultivars. Genetic diversity of the *Bradyrhizobium* isolated was analysed by BOX-PCR and ERIC sequences. Patterns of BOX-PCR fingerprinting were analysed from the same sites and cultivars (intra-population genetic variance). Moreover, resulted showed the presence of two groups of populations

Glyisine max is believed to have originated in Central Asia and has a long history of coexistence with its bacterial symbiont *Bradyrhizobium japonicum* and *Sinorhizobium fredii*.

Elmore, R. W. (1996). *Soybean Inoculation— When is it necessary?* University of Nebraska. [WWW document].URL:

<http://ianrpubs.unl.edu/fieldcrops/g737.htm>

КРИПТОХРОМ 1 ГЕНИНИНГ ЎСИМЛИКЛАДАГИ ФУНКСИЯСИ.

Усмонов Д.Э., Аюбов М.С., Ахмедов М.С., Бўриев З.Т., Абдурахмонов И.Ю.

ЎзР ФА, Геномика ва биоинформатика маркази
111215, Ўзбекистон, Тошкент вил, Қибрай тум, Университет кўчаси, 2-уй.

Криптохром 1 гени кўк нур тасири остида ўсимликларнинг морфологияси, физиологияси ривожланишида асосий ўринлардан бирини егаллайди. Ўсимликларда ёруғлик нуруни сезувчи ресепторлар модел ўсимлик *Арабидопсис тхалиана*да яхши ўрганилган бўлиб, унинг геномида криптохром генлар оиласининг вакиллари яни криптохром-1, криптохром-2 ва криптохром ДАШ фоторесепторлари борлиги аниқланган. Криптохромлар аслида флавопротеинлар ҳисобланиб, эволюцион жиҳатдан ДНКга боғланиш ва ультрабинафша нурлари туфайли ҳосил бўлган ДНКдаги пиримидин димерларини “таъмирлаш” учун кўк нур орқали фаоллаштириладиган ДНК фотолиазалардан келиб чиққан, деб тахмин қилинади. Аммо криптохром ДНК фотолиаза фаолиятини бажара олмайди, у ўсимликнинг ёруғликка боғлиқ бўлган ривожланиш босқичларидаги вазифаларни амалга оширади. Криптохромлар ўсимлик хужайрасидаги турли молекуляр жараёнларни кўк нур таъсирида бошқаради. Дастлаб ушбу фоторесепторлар флавопротеинлар сифатида аниқланган бўлиб, улар ўсимликнинг ўсишида муҳим рол ўйнайди.

Арабидопсис криптохром-1 ва криптохром-2 генлари гуллаш вақтининг фотодаврий назоратида ва фотоморфогенезда бир-биридан фарқли вазифаларни бажарсада, айрим ҳолларда ўзаро бир-бирининг ўрнини ҳам тўлдириб кетади. Криптохромларнинг илдиз шаклланишидаги ролига келадиган бўлсак, аслида илдиз тупроқ остида ривожланади ва бунда илдизга ёруғлик тушмайди, лекин шунда ҳам арабидопсис илдизларида криптохромларнинг экспрессияси кузатилган. Ёруғлик илдиз ривожланишининг кўплаб йиҳатларга хусусан, илдиз узунлашиши, геосезгирлик, яон илдизларнинг шаклланишига таъсир кўрсатади ва арабидопсис илдизларида хлоропластнинг ривожланишида кўк нурлар қизил нурга нисбатан кўпроқ аҳамиятга эга. Ҳақиқатан, кўпгина мақолаларда кўк нур остида илдизнинг яшил тусга кириши фитохромларга нисбатан кўпроқ криптохром-1 га боғлиқлиги, яъни асосий фоторесептор вазифасини ўташи кўрсатиб берилган.

Криптохром-1 гени гипокотел ва илдиз узайиши, гул тожбаргининг ривожланиши каби жараёнларни тўхтатиб туради. Бундан ташқари криптохром-1 гени антоцианин тўпланиши ва котелидоннинг йириклашишини таъминлайди. Шунингдек, барг оғизчаларининг фаоллиги ҳам криптохромларга боғлиқ. Бу эса ўсимликларда илдиз ва поянинг ривожланишини секинлашишига, гулларнинг очилиш тезлигини сусайишига, ҳамда транспирация жараёнини тезлашишига олиб келади.

Биз криптохром-1 гени функциясини РНК интерференцияси методи ёдамида гўза *G.hirsutum* турида ўрганишга қарор қилдик ва ўсимлик тўқимасида шу ген фаолиятини сусаятирувчи РНКи вектор конструкцияси туздик. Хозирда конструкцияни осимликка трансформатсияя қилиш ишлари олиб борилмоқда.

ВЗАИМОДЕЙСТВИЕ «ГЕНОТИП-СРЕДА» ПО ПРИЗНАКУ ВОДОУДЕРЖИВАЮЩЕЙ СПОСОБНОСТИ ЛИСТЬЕВ РАСТЕНИЙ В РАЗЛИЧНЫХ УСЛОВИЯХ ВОДОСНАБЖЕНИЯ И СПОСОБАХ ПРЕДПОСЕВНОЙ ОБРАБОТКИ СЕМЯН СОРТОВ ХЛОПЧАТНИКА

Усманов Р.М.¹, Набиев С.М.¹ Аширалиева С.М.²

Институт генетики и экспериментальной биологии растений АН РУз¹;
Ташкентская область Кибрайский район, пос Юкори-Юз,
igebr_anruz@genetika.uz;

Гулистанский Государственный Университет²

Водоудерживающая способность листьев (ВУС) является одним из важных критериев засухоустойчивости растений хлопчатника. В наших исследованиях семена сортов Навбахор-2, Ишонч и Ташкент-6 перед посевом были обработаны электромагнитным полем низкой частоты (ЭМПНЧ), красным светом (КС) и глицирризиновой кислотой (ГК), а семена сорта Гульбахор-2 - с ЭМПНЧ и ГК. Эти семена были посеяны в условиях оптимального и ограниченного водоснабжения. Контролем служили необработанные семена этих сортов.

Исследования проведены на опытном участке Зангиатинской экспериментальной базы Института, где почва типичный серозем давнего орошения с глубиной залегания грунтовых вод 8,0 и более метров. На обоих фонах водного режима изучаемый материал высеян в 3-х кратных рендомизированных повторениях, на двух рядах в каждом повторении и по 25 растений в каждом ряду, при схеме посева 90x20x1.

Определение ВУС листьев у растений сортов хлопчатника проводили одновременно во всех вариантах в фазе массового цветения-плодообразования растений, при влажности почвы на фоне оптимального водоснабжения 70-72% и на фоне недостаточного водоснабжения 48-50% от ППВ (Предельной полевой влагоемкости).

В условиях оптимального водоснабжения, во всех вышеотмеченных вариантах опыта, ВУС листьев растений была низкой по сравнению с данными фона недостаточного водоснабжения.

При оптимальном водном режиме, по сравнению с контролем, предпосевная обработка семян ЭМПНЧ не привела к достоверному изменению ВУС листьев, тогда как в условиях неблагоприятного водного режима – к существенному увеличению ВУС листьев у сорта Навбахор-2 (на 3,7%) и отсутствию различий у других изученных сортов хлопчатника.

В условиях оптимального водоснабжения, по сравнению с контролем, предпосевная обработка семян красным светом привела к увеличению ВУС листьев у сорта Навбахор-2 на 3,7% и у сорта Ишонч на 2,7%, тогда как у Ташкент-6 не было выявлено наличие различий между этими вариантами. В условиях недостаточного водоснабжения только у сорта Ташкент-6 уменьшается ВУС листьев (на 3,8%) по сравнению с контролем, у остальных сортов разница незначительна.

В условиях оптимального водоснабжения по сравнению с контролем, предпосевная обработка семян глицирризиновой кислотой привела к увеличению ВУС листьев у сорта Навбахор-2 (на 3,7%) и уменьшению ВУС листьев у сорта Ишонч (на 2,7%). У сортов Гульбахор-2 и Ташкент-6 между этими вариантами не было выявлено существенное различие. В условиях почвенной засухи показатели

ВУС листьев у сорта Навбахор-2 и Ташкент-6 при предпосевной обработке семян глицирризиновой кислотой существенно различаются от контроля. В обоих случаях обработка приводит к увеличению ВУС листьев. В вариантах с Гульбахор-2 и Ишонч такие различия отсутствуют.

Полученные результаты указывают на необходимость изучения генотип-средовых взаимодействий по физиологическим критериям засухоустойчивости хлопчатника при предпосевной обработке семян сортов хлопчатника физическими и химическими факторами с целью повышения их устойчивости к недостатку поливной воды.

ИЗУЧЕНИЕ ЗАСУХОУСТОЙЧИВОСТИ ХЛОПЧАТНИКА НА ОСНОВЕ МЕТОДА ГАК

Холмуродова М.М., Тураев О.С., Пратов Ф.Ф., Кушанов Ф.Н.,
Мамаджанов А., Имамходжаева А.С.

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

Одним критически важных ресурсов устойчивого сельскохозяйственного производства Узбекистана является вода. Растущий дефицит водных ресурсов обусловлен, с одной стороны, естественным сокращением стока, вызванным изменением климата. А с другой стороны сельскому хозяйству требуется все больше воды для борьбы с засолением. Совершенно естественно, что перед селекционерами поднимается задача, связанная с созданием засухоустойчивых сортов сельхозкультур. И к скоростному решению данной проблемы необходимо активно подключать современные методы биотехнологии. Создания новых линий, устойчивых к различным экологически неблагоприятным природным условиям - одна из важнейших задач ученых.

Ученые составили основные задачи стратегии создания новых линий: 1) на основе современных методов молекулярной и частной генетики создать геномный инструмент для маркер ассоциированной селекции основных сельскохозяйственных культур; 2) на базе новых данных, полученных в ходе выполнения проекта, усовершенствовать методики селекционных работ с хлопчатником.

Применение современных методов селекции (МАС и ГАК) направлено на ускоренную технологию создания новых наиболее устойчивых к неблагоприятным экофакторам сортов сельскохозяйственных культур. В стратегии ГАК обязательным элементом является высеv родительских образцов вместе с гибридными поколениями.

Существуют множество путей устранения особой проблемы: чрезмерная структурная гетерогенность популяции и большая частота минорных аллелей в его геноме, которые приводят к ложноположительной ассоциации между признаком и маркером.

Однако лучшим является создание специальной популяции, получившей в иностранной литературе название NAM (NAM - Nested Association Mapping) или по-русски ГАК-популяции (Гнездовое Ассоциативное Картирование).

Основными достоинствами ГАК картирования являются более низкая его чувствительность к генетической гетерогенности популяции, большее разрешение,

так же как и большая результативность при использовании геномного сиквенса или плотности маркеров, имеющих высокую аллельную представленность, связанную, в свою очередь, с разнообразием родителей. Причем, наибольшая эффективность достигается при работе с рекомбинантными инбредными линиями ГАК-популяции. ГАК популяция создается специально, для получения интегрированной картируемой популяции, специально дизайнированной для полного геномного сканирования с высокой мощностью, позволяющей провести идентификацию различных по эффекту QTL и на этой основе разработать теорию ускоренного создания сортов сельхоз культур. ГАК-популяции были созданы для картирования локусов QTL и для других растений, таких, как арабидопсис, ячмень, пшеница, рапс. Для хлопчатника ГАК-популяция была создана впервые в мире в Центре геномики и биоинформатики АНРУз. И на сегодня создано шестое поколение (которое в 2017 году высеяно в условиях Сырдарьинского вилоята. Там же высеяны родительские сорта. В следующем (2018) году будут изучены рекомбинантные инбредные линии седьмое гибридное поколение будет проанализировано

**ГЕН-НОКАУТ ТЕХНОЛОГИЯСИ АСОСИДА ЯРАТИЛГАН ҒЎЗА
НАВЛАРИНИНГ ФУЗАРИОЗЛИ ВИЛТ КАСАЛЛИГИГА
ЧИДАМЛИЛИГИНИ ОШИРИШ**

Ҳусенов Н.Н., Маткаримов М.Ў., Тураев О.С., Макамов А.Х.,
Аллаяров Х.Н., Қўйсунова Ю.М., Кушанов Ф.Н., Абдурахмонов И.Ю.

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

Fusarium oxysporum f.sp. *vasinfectum* (FOV) замбуруғи қўзғатувчи ғўзанинг фузариозли вилт касаллиги барча пахта етиштирувчи мамлакатлар иқтисодиётига жиддий зарар келтиради. Бугунги кунга келиб замонавий биотехнологик ва селекцион дастурларни қўллаш асосида ўзида қимматли хўжалик белгиларини мужассам этган нав ва линиялар олинмоқда. Бироқ, табиатнинг биотик ва абиотик омиллари таъсирида олинган бу нав ва линияларнинг патоген замбуруғларга чидамлилиги сезиларли даражада пасайиб бормоқда.

Ғўзанинг турли хил патогенларга чидамлилиги хусусияларини ошириш, фузариозли ва вертициёзли вилт касаллигига чидамли навларни яратиш мақсадида бутун дунёда юзлаб биотехнолог, генетик ва селекционер олимлар минглаб тадқиқотлар олиб боришмоқда. Шу жумладан олимлар томонидан генларни карталаштиришнинг анъанавий ва нотенг бирикканлик (LD – Linkage Disequilibrium) усулларида фойдаланиб фузариоз вилт касаллиги билан генетик бириккан бир қанча ДНК-маркерлари аниқланган.

Тадқиотдан қўзланган мақсад ДНК-маркерлар технологиясидан фойдаланиб ген-нокаут ғўза навларининг фузариозли вилт касаллигига чидамлилигини оширишдан иборат. Тадқиқотни амалга ошириш учун энг аввало чидамлилиги локуслари/генларини карталаштириш бўйича чоп этилган илмий мақолалар асосида ДНК-маркерлар панели яратилди. Ўзбекистон ғўза коллекциясидан моро-биологик тавсифига қўра ушбу касалликка чидамли ҳисобланган генотиплар танлаб олинди ва ген-нокаут технологияси асосида яратилган “Порлоқ” навлари билан чидамлилиги

QTL локуслари бўйича полиморфизм ўрганилди. Таҳлил натижаларига кўра NAU1014, JESPR101 BNL3502 SSR-маркер аллеллари бўйича PD-648, DPZ-554085, Las Brenas-347, L-237025N517 донор линиялари ҳамда Порлоқ-1, Порлоқ-2, Порлоқ-3 ва Порлоқ-4 навлари ўртасида ўзаро полиморфизм кузатилди. Танлаб олинган донор генотиплари “Порлоқ” навлари билан ўзаро частиштирилиб олинган F1 дурагайлари тегишли она (реципиент) генотиплари билан қайта (беккросс) частиштирилиб BC1F1 дурагайлари олинди.

Ҳозирда яратилган реципиент навларнинг тола сифатини яхшилайдиган геном қисмини қайта тиклаш мақсадида навбатдаги беккросс дурагайлаш ишларини давом эттирилмоқда. Бундан ташқари, биоинформатик дастурлар (in silico) ҳамда маълумотлар баъзасидан (МБ) фойдаланиб чидамлилиқ билан генетик бириккан ДНК-маркерлари “ген аннотациялаш” усули бўйича тавсифланмоқда.

ИСПОЛЬЗОВАНИЕ ТЕХНОЛОГИИ ДНК-МАРКЕРОВ ДЛЯ ИНТЕГРИРОВАНИЯ QTL ЛОКУСОВ УСТОЙЧИВОСТИ К ВИЛТУ В НОВЫЕ СОРТА ХЛОПЧАТНИКА

Хусенов Н.Н., Маткаримов М.У., Тураев О.С., Дарманов М.М.,
Норбоков Ж.К., Адылова А.Т., Кушанов Ф.Н., Абдурахмонов И.Ю.

Центр геномики и биоинформатики АН РУз
111215, Ташкентская обл., Кибрайский район, ул. Университетская, д. 2
naimhusenov@mail.ru

Во всем мире хлопковое волокно является жизненно важным экономическим продуктом, на долю которого приходится 35% от общего мирового производства. При этом, согласно данным Хлопкового фонда, ежегодно 12% урожая теряется из-за болезней хлопчатника, вызываемых фитопатогенами и другими сельскохозяйственными вредителями.

Поэтому создание сортов хлопчатника с повышенной устойчивостью к фузариозному и вертициллезному вилту является актуальной задачей хлопководства не только в Узбекистане, но и в других хлопкосеющих странах мира.

С введением в практику биологических исследований ДНК-маркеров значительно расширились возможности селекционных программ по хлопчатнику, поскольку ученые научились идентифицировать ключевые гены/локусы количественных признаков – QTL (quantitative trait loci), которые вносят свой вклад в формирование определенного количественного признака. До сегодняшнего дня отечественными и зарубежными учеными идентифицировано множество QTLов, ассоциированных с признаками качества волокна, а также с устойчивостью к *Fusarium oxysporum* f.sp. *vasinfectum*.

Целью данного исследования является интегрирование QTL локусов, детерминирующих устойчивость к вилту, в новые сорта хлопчатника Порлоқ и Равнак, созданные ранее в Центре геномики и биоинформатики с использованием технологий MAS (маркер вспомогательной селекции) и РНК-интерференции, и обладающие такими признаками, как высокая продуктивность и хорошее качество волокна. В качестве доноров целевых QTL нами были выбраны 18 линий хлопчатника (взяты из коллекции гермоплазмы Узбекистана), с различными морфо-биологическими характеристиками и относительно резистентные к вилту.

Все генотипы, взятые для скрещивания, были зондированы с помощью 50 микросателлитных SSR праймеров, выбранных нами на основании литературных данных, для выявления маркеров, дискриминирующих родительские формы. Для начала отобраны 16 кандидатных SSR маркеров, выявивших в наших образцах полиморфизм между реципиентом и донором.

Были получены гибриды первого поколения (F1) в 36 различных комбинациях скрещивания. В последующем гибриды F1 с целевым маркерным локусом, полученным от донора, были повторно скрещены с рекуррентными родителями.

Таким образом, на сегодняшний день нами получено второе поколение (BC1F1) гибридов, скрининг которых с помощью ДНК-маркеров позволит выбрать генотипы, несущие, наряду с генами высокого качества волокна, и локусы устойчивости к вилту. Отобранные генотипы будут повторно скрещены с реципиентными родителями, чтобы сохранить в гомозиготном состоянии гены реципиента и освободиться от нежелательных генов донора.

КОЛИЧЕСТВЕННАЯ ОЦЕНКА РАЗВИТИЯ БОЛЕЗНЕЙ СЕЛЬХОЗКУЛЬТУР

Хуршут Э.Э.

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

Количественная характеристика процесса развития заболевания необходима для его прогнозирования, изучения устойчивости растений, оценки зависимости потерь урожая от заболеваемости, разработки мероприятий по профилактике и стратегии борьбы, а также оценки их действенности. В качестве интегрированного показателя, характеризующего динамику заболевания, было предложено вычислять площадь под кривой развития болезни AUDPC (Area Under Disease Progress Curve) [Shaner, 1977]. Для сравнимости результатов различных исследований удобнее относительное его значение rAUDPC. Было показано также, что AUDPC занижает величины первого и последнего наблюдения. В качестве альтернативы был предложен показатель AUDPS (Area Under Disease Progress Stairs) – площадь под ступенями развития болезни [Simko, Piepho, 2012]. Так как развитие болезни является функцией времени, для сравнимости результатов экспериментов длительность и частота наблюдений в них должны совпадать. Кроме того, AUDPC и AUDPS покрывают разные временные диапазоны. Чтобы сделать эти показатели сравнимыми необходимо стандартизировать их по времени, для чего используются, соответственно, sAUDPC и sAUDPS [Simko, Piepho, 2012].

Рассмотренные выше показатели можно вычислять в электронных таблицах (например, Microsoft Excel) или статистических программах. В R пакете agricolae [Mendiburu, 2016] имеются функции, возвращающие по умолчанию абсолютные значения AUDPC и AUDPS. Дополнительный параметр `type="relative"` позволяет определять также относительные значения этих показателей. Необходимо отметить, что корректно они вычисляются лишь в случае, когда исходные данные выражены в процентах. Для обхода этого ограничения оригинальные функции были нами модифицированы с добавлением дополнительного параметра `umax` – максимально

возможная величина показателя заболеваемости (по умолчанию $u_{max}=100$). Кроме того, был добавлен параметр `type="std"`, при котором функции возвращают значения стандартизированных показателей `sAUDPC` и `sAUDPS`. Код модифицированных функций с примерами доступен на сайте ЦГБ (<http://genomics.uz/publikatsii>). Здесь же приведем короткий пример использования оригинальных функций.

Для начала необходимо загрузить пакет в среду R командой `library(agricolae)`. Далее создадим набор данных:

```
Time <- c(1:6)
```

```
Estimates <- c(1, 1, 3, 4, 5, 5)
```

Определим абсолютные значения `AUDPC` и `AUDPS`:

```
audpc(Estimates, Time)
```

```
evaluation
```

```
16
```

```
audps(Estimates, Time)
```

```
evaluation
```

```
19
```

В электронных таблицах Microsoft Excel данные для того же примера располагаются в первых двух строках и колонках A-G (в первой колонке имена переменных `Time` и `Estimates`, а далее числовые данные). `AUDPC` вычисляется по следующей формуле (вставить в ячейку H2):

$$=((C2+B2)/2)*(C1-B1)+((D2+C2)/2)*(D1-C1)+((E2+D2)/2)*(E1-D1)+((F2+E2)/2)*(F1-E1)+((G2+F2)/2)*(G1-F1)$$

Формула для вычисления `AUDPS` (I2): $=H2+((B2+G2)/2)*((G1-B1)/(СЧЁТ(B1:G1)-1))$

Относительные показатели `rAUDPC` и `rAUDPS` вычисляются, соответственно, по формулам (J2 и K2): $=H2/((G1-B1)*5)$ и $=I2*(СЧЁТ(B2:G2)-1)/((G1-B1)*СЧЁТ(B2:G2)*5)$

Стандартизированные показатели `sAUDPC` и `sAUDPS`, соответственно, по формулам (L2 и M2): $=H2/(G1-B1)$ и $=I2*(СЧЁТ(B2:G2)-1)/((G1-B1)*СЧЁТ(B2:G2))$

Полученные показатели динамики заболевания можно анализировать стандартными методами статистики (дисперсионный, корреляционный, регрессионный анализ и пр.).

PREDICTION OF LONG NON-CODING RNA FUNCTION UNDER ROOT-KNOT NEMATODE AND *FUSARIUM OXYSPORUM* INFECTION IN COTTON

Shapulatov U.M., Ayubov M., Norov T., Saha S., Wubben M., Makamov A.X., Buriev Z.T., Shermatov S.E., Abdurakimov A., Jenkins.J. and Abdurakhmonov I.Y.

Center of Genomics and Bioinformatics Academy of Sciences the Republic of Uzbekistan,
University Str.2, Kibray region, Tashkent District, 111215 Uzbekistan
USDA-ARS, Crop Science Research Laboratory, Crop Science Research Laboratory,
Mississippi State, MS 39762;
info@genomics.uz

Regulation of stress responses by non-coding RNAs is a very attractive field in plant biology. Although, it is already discovered the structure, biogenesis and functions of small non coding RNAs including microRNAs or other small RNAs, but our knowledge on the long non coding RNAs (lncRNAs) is a still poor. In contrast to small RNAs, the lncRNAs are >200 nucleotides in length and the identified that they often localized in the nucleus. So far, a few lncRNAs are found and characterised in plant kingdom. Most explored long non coding RNA in plants calls COLD AIR that is established as involved in cold responses. Other studies confirmed that lncRNAs also play a crucial role in antifungal gene expression networks in plants.

Our previous research indicated that a numerous small RNA sequences (18-24nt) from Root-knot nematode (RKN) and *Fusarium oxysporum* infected cotton roots were blasted to unknown lncRNAs. At least three lncRNAs identified as a produce of small RNAs under RKN and two lncRNAs in Fusarium infection. The lncRNA -105763523 exhibited a stable expression at 7,14 and 21 day post infection (dpi) by RKN but steadily increased at 28 dpi in cotton root tissues.

To validate these nematode and fungi stress involved lncRNA candidates will be quantified by qPCR from resistant and susceptible cotton lines under RKN and Fusarium infection. For functional investigation, the most relevant lncRNAs will be cloned based on gain of function or loss of function tools in cotton.

IDENTIFICATION OF SMALL NON-CODING RNAS DURING ROOT-KNOT NEMATODE ATTACK IN COTTON

Shapulatov U.M.¹., Makamov A.Kh.¹., Saha S.²., Buriev Z.T.¹., Shermatov Sh.E.¹.,
Abdurakimov A.¹., Abdurakhmonov I.Y.¹.

¹Center of Genomics and Bioinformatics under Academy of Sciences the Republic of
Uzbekistan, University Str.2, Kibray region, Tashkent District, 111215 Uzbekistan;
²USDA-ARS, Crop Science Research Laboratory, Crop Science Research Laboratory,
Mississippi State, MS 39762;
info@genomics.uz

Meloidogyne incognita, a root-knot nematode (RKN) is one of the large damaging endoparasitic phytonematode in cotton. The nematode mainly affects by attacking the secondary roots and restricts the ability to absorb water and nutrition. The worst damage of RKN often occurs in association with fungi (Fusarium wilt) or other bacteria. Many other studies on the model plants have been confirmed that the enrichment of microRNA silencing would powerful tool to manage of nematode damage in major crop plants including cotton. However, the association of microRNA or other small RNAs with RKN

resistance is largely unknown in cotton. The purpose of this research is to characterize of small RNAs and their targets from cotton root tissues.

Two different cotton lines which are more resistance (M-240 line) and susceptible (M-8 line) to RKN were used in order to investigate of small RNAs. In this work over 3000 plasmid colonies were sequenced from 8, 16 and 24 dpi (day post infection) libraries. 667 unique small RNA sequences were selected from the sequence analysis for performing their blast and target gene identification. These unique small RNA sequences were used to find candidate genes via sRNATarget Analysis server based on *G.raimondii* unigene data. A total 110 target genes were identified from all library. We also predicted the molecular function of target genes using Gene Ontology (GO) analysis. The involvement of some of the target genes from resistant lines were identified in molecular enzymes such as peroxidase, metallopeptidase, kinase activity as well lipid and magnesium ion binding processes. In addition, a single small RNA from the resistant line at 24 dpi was targeted to WRKY transcription factor 16. This transcription factor is a key regulator of many processes including biotic and abiotic stresses in plants.

Results demonstrated that the differences of small non-coding RNAs between resistant and susceptible lines suggesting the potential of gene silencing to control of RKN in cotton. Also, it is expecting that some long non-coding RNAs involve in microRNA-mRNA interaction.

BUG'DOY TO'QIMASIDAN CTAB VA SDS USULIDA GENOM DNK AJRATISHNI OPTIMALLASHTIRISH.

Shavqiyev J. SH., Adilova SH., Xamdullayev SH. A., Rejapova M.M., Buzrukov S.

O'zR FA Genetika va o'simliklar eksperimental biologiyasi instituti.

Toshkent viloyati, Qibray tumani, Yuqori-yuz.

jaloliddin.1992@mail.ru

O'simlik genlarini o'rganish orqali abiotik, biotik stresslarga chidamlilikni hamda qimmatli xo'jalik ko'rsatgichlariga javob beruvchi belgilarni aniqlash mumkin. Hozirgi kunda, shu yo'nalishda molekulyar genetika, biotexnologiya, genomika sohalari keng tadqiqotlar olib bormoqda, lekin bu tadqiqotlarda o'simlik genomidan DNK namunalarini ajratib olish ko'p vaqt va ancha mablag' talab etadi. Shu sababli, o'simlik to'qimasidan DNK ajratish usulini optimallashtirish dolzarb vazifalardan biridir.

Tadqiqotlarimizda Doylening [1] CTAB metod va Plaschkening [2] SDS metod protokollari nazorat va modifikatsiyaga uchratilgan varianti tajriba sifatida olindi. Tadqiqot obekti sifatida bug'doyning *Triticum aestivum* L. turiga mansub 10 ta genotiplari olindi.

Tajribada 24 kunlik bug'doy o'simlik barg to'qimalarini 2 ml probirkalarga 0,2 grdan olindi va ulardan genom DNK si ajratildi. CTAB va SDS usullarini modifikatsiyaga

u
c
h
r
a
t
i
l
g
a
n

сентрифугаланди ва DNK cho'kmasi ajratib olindi. DNK cho'kmasini 2 марта 0,5 ml 70% этил спиртида тозаланиб олди. Хар сафар тозаланиганда 10000 марта/дақ тезлигида 5 дақиқа сентрифугаланди. Cho'kma вакуум концентратда 45°C ҳароратда қуритилиб 100 мкл TE (10mM Tris pH 8.0, 1mM EDTA pH 8.0) буфериди эритилди ва -20°C ҳароратли музлатгичга қо'йилди. 15 та SSR примерлари DNK намуналари билан полимеризация зanjir реаксияси (PZR) o'tkazildi. PZR маҳсулотлари 2% агароза гелида электрофорез қилинди. Электрофорез тahliliga қо'ра модификацияланган метод орқали ажратиб олинган DNK намуналари Doylening CTAB ва Plaschkening SDS протокollari билан ажратиб олинган DNK намуналари o'rtasida фарқ кўзатилмади.

Хулоса сифатида шунни айтиш мумкинки, модификацияга учратилган услуб тежамкор ва кам вақт талаб этиди.

Адабиётлар:

1. Doyle, J.J. and Doyle, J.L. (1990). Isolation of plant DNA from fresh tissue. Focus, 12, 13-15.
2. Plaschke, J. Detection of genetic diversity in closely related bread wheat using microsatellite markers / J. Plaschke, M.W. Ganai, M.S. Röder // Theor. Appl. Genet. – 1995. – V. 91. – P. 1001–1007

ARTEMISIA DIFFUSA ЎСИМЛИГИ ТАРКИБИДАГИ АЙРИМ ЭРКИН АМИНОКИСЛОТАЛАР ТАҲЛИЛИ

Шеримбетов С.Г., Ишимов У.Ж., Мирзаева Н.Р., Шукурхонова М.Ф.

Ўзбекистон Республикаси Фанлар академияси Биоорганик кимё институти,
sanjarbeksherimbetov@gmail.com

Ҳужайрадаги биосинтез жараёнида эркин аминокислоталар асосий молекуляр материал эканлиги ҳамда уларнинг турли оксиллар синтезида ҳужайра ички муҳити минерал таркибининг барқарорлиги муҳим биокимёвий факторлардан бири ҳисобланади.

Ўсимлик ҳужайраларидаги биосинтез жараёнида аминокислоталарнинг ролини, шунингдек, ташқи муҳитнинг ноқулай экологик омилларига жавоб реакциясидаги аҳамиятини аниқлаш мақсадида Орол денгизининг қуриган тубида кенг тарқалган *Artemisia diffusa* ўсимлигининг вегетатив органларидаги (барг ва поялари) эркин аминокислоталар миқдори ўрганилди.

Ўсимлик цитоплазмасидаги ионларнинг токсик таъсирининг нейтраллашисида пролин ва глицинбетин каби осмотик фаол моддаларнинг роли каттадир. Проллин регуляциясининг биосинтетик йўлида ёруғлик, фотопериодизм, сув ва тузга стресси, патогенларга жавоби каби омилларнинг роли олимлар томонидан аниқланган. Ўсимликларнинг тузга чидамлилигида (K⁺, Ca⁺⁺, Mg⁺⁺ ва P ионлари ва NaCl) фенилаланин ва пролин концентрациясининг ўзгариши маданий ўсимликлар устида олиб борилган тажрибалар орқали тасдиқланган.

Тадиқотлар давомида бу жараён Орол денгизининг суви қуриган ҳудудларида тарқалган ўсимлик турлари мисолида яна бир бор ўз тасдиғини топди.

Таҳлиллар натижасида Жанубий Оролқум ҳудудида тарқалган *Artemisia diffusa* ўсимликлари органлари таркибидаги эркин фенилаланин ва пролиннинг миқдори мазкур турларнинг Устюрт ҳудуддаги популяцияларидаги турларига сезиларли

даражада юқори эkanлиги аниқланди: пролин – 1,37 мг/г (Оролқум), 0,004 мг/г (Устюрт); фенилаланин – 1,45 мг/г (Оролқум), 0,0007 мг/г (Устюрт). Шунингдек, глутамин – 1,43 мг/г (Оролқум), 0,003 мг/г (Устюрт), аланин – 0,55 мг/г (Оролқум), 0,001 мг/г (Устюрт), глутамин кислотаси – 1,82 мг/г (Оролқум), 0,001 мг/г (Устюрт) каби аминокислоталари миқдорларида ҳам сезиларли даражада фарк борлиги аниқланди.

Олинган бирламчи натижалар Оролқум худудида тарқалган *Artemisia diffusa* ўсимлигида айрим стресс гуруҳи аминокислоталарининг хужайралардаги синтези жадал равишда бораётганлигидан далолат беради. Эркин фенилаланин ва пролиннинг цитоплазмадаги миқдорининг ортиши турли даражадаги тузларнинг салбий таъсирларини камайтириш ва уларни нейтраллаши эвазига хужайралардаги биокимёвий жараёнларнинг турғун кечишида марказий ўрин эгаллашини тахмин қилиш мумкин.

ГЕН *ESKIMO1* РЕГУЛИРУЕТ ЗАСУХО- И СОЛЕУСТОЙЧИВОСТЬ У ХЛОПЧАТНИКА

Шерматов Ш.Э., Буриев З.Т., Убайдуллаева Х.А., Абдурахмонов И.Ю.

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

Дефицит воды и засоление земель является одной из глобальных проблем ежегодно приводящих к огромным потерям урожая сельхозкультур в мире. Сельское хозяйство Узбекистана также несет убытки вследствие воздействия этих абиотических стрессов. Поэтому идентификация генов и генетических элементов, регулирующих устойчивость растений к стрессам имеет огромное практическое значение.

Исследователи по всему миру постоянно ведут поиск генов, которые могут быть использованы в создании новых устойчивых к стрессам сортов сельхозкультур. Ранее из генома растения арабидопсиса был клонирован ген *ESKIMO1*, который участвует в развитии засухоустойчивости и солеустойчивости.

Целью данного исследования было клонирование гена *ESKIMO1* из генома хлопчатника. Для этого в базе данных GenBank проведен поиск генов растений схожих по нуклеотидным последовательностям с геном *ESKIMO1*. Были обнаружены последовательности подобные *ESKIMO1* в геноме различных растений, таких как арабидопсис, кукуруза, рис тополь. На основе этих последовательностей были созданы дегенеративные праймеры, которые использованы для амплификации геномных фрагментов из нескольких геномов хлопчатника: TM-1 [*G. hirsutum* - (AD)1], Pima 3-79 [*G. barbadense* - (AD2)], *G. herbaceum* (A1), *G. arboreum* (A2) и *G. raimondii* (D5). Из амплифицированных фрагментов был клонирован и секвенирован один ампликон длиной 345 пар оснований, соответствующий четвертому экзонному региону гена *ESKIMO1* арабидопсиса. Клонированные геномные фрагменты *ESKIMO1* хлопчатника были схожими по нуклеотидным последовательностям между генотипами хлопчатника на 97% и 75% на ген *ESKIMO1* арабидопсиса.

Сравнительный анализ полных последовательностей генов *ESKIMO1* показал, что геномы хлопчатника имеют высококонсервативный ген *ESKIMO1* длиной 2146-

2160 п.о.: A1 (2147 п.о.), A2 (2148 п.о.) и D5 (2160 п.о.), причем диплоиды имеют один ген *ESKIMO1*, тогда как AD-тетраплоиды два - (*esk1-A* и *esk1-D*), один получен из А-геномных предков, другой из D-геномных предков.

ИЗМЕНЕНИЯ В ЭКСПРЕССИИ ГЕНОВ ЭНТЕРОХРОМАФФИН-ПОДОБНЫХ КЛЕТОК ЖЕЛУДКА ПРИ ГОЛОДАНИИ

Якубов И.Т., Ламбрехт Н.У., Сакс Ж.

Учебно-экспериментальный центр высоких технологий
100174, г.Ташкент, Олмазорский район, Талабалар шаҳарчаси, За
iskandar2014a@gmail.com

Энтерохромоаффино-подобные клетки (ECL) желудка высвобождают гистамин в ответ на употребление пищи, увеличения концентрации гастрина, и высвобождения из нейронов пептида, активирующий аденилатциклазу гипофиза (PACAP). В отсутствие употребления пищи секреция желудочной кислоты находится на базальном уровне, но быстро стимулируется кормлением животных.

ECL клетки желудка крысы были очищены до 95% чистоты. Чистоту клеток оценивали с использованием антител против HDC и VMAT-2. РНК из эпителия желудка и ECL клеток выделяли с использованием набора NucleoSpin RNA II Kit (BD Biosciences). Чистоту и стабильность РНК определяли в Bioanalyser 2100 (Agilent Technologies). Олигонуклеотидный микрочип анализы проводили согласно протоколу фирмы Agilent Technologies с трехкратным повтором при разных комбинациях флуоресцентных красок (Cy3- и Cy5-СТР). Количественный ПЦР анализ в реальном времени проводили с помощью набора Dynamo SYBR Green qPCR Kit (Finnzymes).

Крысы, голодавшие в течение 24 ч, показали значительное уменьшение содержания гистамина слизистой оболочки, несмотря на одинаковую экспрессию гистамин синтезирующего фермента - гистидин декарбоксилазы.

Сравнительный транскриптомный анализ экспрессии генов чистых ECL клеток нормальных и голодающих крыс с использованием олигонуклеотидных микрочипов выявил достоверно повышенную экспрессию генов ферментов гистидиназы и уроканазы, катаболизирующие субстрат гистаминдекарбоксилазы L-гистидина. В то же время, анализ выявил значительное уменьшение экспрессии SN2 клеточного транспортера L-гистидина и везикулярного транспортера моноаминов 2 (VMAT-2), ответственных за поглощение гистамина в секреторные везикулы.

Полученные результаты были подтверждены полимеразной цепной реакцией с обратной транскриптазой - количественными образцами слизистой оболочки желудка полученных от крыс с нормальным кормлением и голодающих в течение 24 часов.

Снижение экспрессии гена VMAT-2 также было показано по уменьшению содержания VMAT-2 белка в экстрактах из кормящихся и голодающих крыс по сравнению с равными количествами белка гистамин декарбоксилазы и содержания белка альфа 1 субъединицы Na, K-АТФ-азы. Эти результаты показали, что ECL клетки желудка крыс регулируют содержание гистамина в течение 24-часового голодания не путем изменения экспрессии гена или белка HDC, а путем

регулирования концентрации субстрата для HDC и уменьшенного секреторного накопления гистамина.

Результаты анализа с применением олигонуклеотид микрочипов также позволяет предполагать значительные изменения в активности транскрипции, которые увеличивают выживаемость и ингибируют деление клеток, апоптоз и конечную нейроэндокринную дифференцировку. Эти изменения в экспрессии гена можно объяснить как переход клетки в состояние покоя.

ECL клетки желудка понижают регуляцию экспрессии генов пептидных гормонов и белков, участвующих в функциях, которые синтезируют и высвобождают эти пептидные гормоны, что указывает на общее снижение секреторной способности клетки при голодании животных. ECL клетки желудка, возможно, изменяют генную экспрессию белков, участвующих в цитоскелетной организации и образовании контактов между клетками. Энергетический метаболизм клеток ECL во время голодания, по-видимому, изменяется, так как увеличивается экспрессия генов компонентов липидного обмена клеток. Предварительные данные, полученные нами на основании анализа олигонуклеотид микрочипов, обеспечивают существенную основу для дальнейших исследований физиологии ECL клеток.

II. ГЕНЕТИКА РАСТЕНИЙ И ЖИВОТНЫХ

КЛАССИФИКАЦИЯ ИСХОДНОГО МАТЕРИАЛА ХЛОПЧАТНИКА С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ КЛАСТЕРНОГО АНАЛИЗА

Абдуллаев Ф.Х.

Институт генетики и экспериментальной биологии растений АН РУз
111226, Узбекистан, Ташкентская область, Кибрайский район, пос. Юкори-юз
f_abdullaev@yahoo.com

Успешное осуществление селекционных программ, основанных из использования разнообразного материала, во многом зависит от правильного подбора родительских пар для скрещиваний. Важную роль при этом играют различные приемы классификации, позволяющие систематизировать коллекционные и селекционные образцы, а также сорта и линии культуры по важнейшим генетическим свойствам, что способствует оптимизации селекционного процесса.

При селекции хлопчатника с использованием традиционного принципа подбора родительских пар для гибридизации в качестве одного из родительских компонентов берут местный сорт, хорошо приспособленный к условиям данного региона. Другого родителя подбирают таким образом, чтобы исключить недостатки первого (восприимчивость к болезням, низкая продуктивность и др.). Для этого используют эколого-географически отдаленные сорта, дикие или рудеральные формы тетраплоидных видов хлопчатника. Вероятность получения ценных трансгрессивных рекомбинантов будет зависеть от генетической отдаленности (дивергенции) скрещиваемых родителей. Это объясняется тем, что важнейшие признаки контролируются различными наборами генов и возникающие при кроссинговере случайные рекомбинации могут привести к желаемым трансгрессивным изменениям по многим их них.

Кластерный анализ, основанный на евклидовых расстояниях, при правильном подборе наиболее информативных признаков позволяет сгруппировать в отдельные кластеры генетически близкие сортообразцы, выявить различия между ними, входящими в различные кластеры, и на этой основе предусмотреть уровень трансгрессивного расщепления гибридного потомства при скрещивании различных форм. Таким образом, результаты кластерного анализа могут быть использованы для оптимизации селекционного процесса.

Классификация сортообразцов по генотипическим значениям признаков методом кластерного анализа при оценке нового исходного материала позволяет классифицировать различий материал с использованием балльного шкалирования (1-9- для морфологических признаков) и фактической выраженности признака- по преобразованным данным. На основании результатов исследований применение математических методов при классификации сортообразцов по генотипическим значениям признаков дает возможность объединять исходные генотипы в обособленные группы (кластеры) и получать важную информацию о генетической отдаленности родительских форм, принадлежащих к разным кластерам, способствующую повышению эффективности селекционного процесса.

Для описания образцов хлопчатника по морфологическим признакам использовали девятибальную систему оценок: 1 балл- самое слабое проявление признака. 9- самое сильное. При меньшем числе классов отдельных признаков использовали цифры в симметрическом диапазоне этой системы.

Таким образом, результаты кластерного анализа разных наборов сортов и линий хлопчатника показали высокую разрешающую способность выбранной программы и используемой методики. Также установлено оптимальное число кластеров при разных объемах и происхождении экспериментальных наборов сортообразцов мировой коллекции хлопчатника. Критерием оптимальности группировки во всех экспериментальных наборах является то, что внутрикластерные расстояния (дивергенция между объединенными генотипами) значительно меньше расстояния между кластерами.

Проведенные исследования показали, что географическая разобщенность и генетическая дивергенция не тождественны. В настоящее время в селекционные программы чаще включаются образцы из мировой коллекции, подвиды, межвидовые гибриды, возможно, у всех современных сортов часть зародышевой плазмы происходит от географически отдаленных форм. Поэтому, объединенные в одном кластере сорта с различным географическим происхождением не является доказательством неадекватности евклидова расстояния генетической дивергенции. Для того чтобы выявить связь евклидовых расстояний с географическим происхождением необходимо знать родословную изучаемых сортов, что при большом наборе образцов мировой коллекции практически невозможно. Кластерный анализ, оснований на евклидовых расстояниях, является одним из способов измерения генетической дивергенции исходного материала и объединение их в кластеры по генетическому происхождению, а не по географическому.

Результаты кластерного анализа могут быть использованы для оптимального подбора пар при гибридизации исходя из задач селекционных программ, т.к. при кластеризации однотипные по происхождению сорта и линии попадают в один кластер и, следовательно, дают возможность правильно выбрать исходный материал для скрещивания.

Как мы убедились на нашем материале, генетическая дивергенция не всегда совпадает с географической отдаленностью, что можно объяснить усилившимся обменом материалов между исследователями разных стран и регионов, активным использованием мировой коллекции и привлечением в скрещивании подвидов и межвидовых гибридов.

Известно, что для успешного получения высокогетерозисных гибридов необходимо привлекать сорта неродственного происхождения из разных эколого-географических групп, наиболее дифференцированных в генетическом отношении. В этом плане метод кластеризации образцов по генетической дивергенции по происхождению облегчает работу селекционера при выборе исходного материала.

ЭФФЕКТИВНОЕ ИСПОЛЬЗОВАНИЕ ГЕНОФОНДА ХЛОПЧАТНИКА НА ОСНОВЕ ФОРМИРОВАНИЯ НАЦИОНАЛЬНОЙ ИНФОРМАЦИОННОЙ СИСТЕМЫ

Абдуллаев Ф.Х., Арсланов Д.М.

Институт генетики и экспериментальной биологии растений АН РУз
111226, Узбекистан, Ташкентская область, Кибрайский район, пос. Юкори-юз
f_abdullaev@yahoo.com, arslanovdm@yandex.ru

В Узбекистане сосредоточено большое мировое разнообразие генетических ресурсов хлопчатника и их дикорастущих сородичей, имеющее мировую ценность. Сохранение разнообразия генофонда хлопчатника жизненно важно не только для республики и региона, но и для всего мира в целом.

Генетический фонд мирового разнообразия хлопчатника в Узбекистане имеет стратегическую значимость, и насчитывает 32580 обр., в том числе: *G.hirsutum* L.- 24571 обр., *G.barbadense* L.- 4190 обр., *G.arboreum* L.- 1623 обр., *G.herbaceum* L.- 1292 обр. и другие виды- 937 обр. Основу данного генофонда составляют культивируемые и дикие виды рода *Gossypium* L., а также синтетические гибриды, созданные на основе отдаленной межвидовой гибридизации диплоидных и тетраплоидных видов и экспериментальной полиплоидии и мутагенеза. Этот богатейший генетический фонд является базой фундаментальных и прикладных исследований в разных областях биологической науки и основой успешного развития хлопководства в республике. Генофонд хлопчатника, сохраняющийся в НИУ республики, сосредоточен ныне в 5 научных учреждениях: Институте генетики и экспериментальной биологии АН РУз, НИИ селекции, семеноводства и агротехнологий хлопка, НИИ растениеводства, Центре геномики и биоинформатики, Национальном университете Узбекистана им. М.Улугбека, где имеется значительный объем информации о нем.

Следует отметить, что в настоящее время республике ведется работа по формированию компьютерной базы данных по ГРР, где широко используются принципы формирования баз данных ИКАРДА и ВИР. Проведенная работа в данном направлении направлена на решение комплекса взаимосвязанных задач по формированию на основе права интеллектуальной собственности базы данных по характеристикам генофонда хлопчатника с использованием составленных унифицированных и систематизированных дескрипторов являющихся основным компонентом Национальной информационной системы.

В рамках проекта КА-0-009 «Создание Национальной информационной системы по генофонду хлопчатника с целью его эффективного использования» проведена работа по инвентаризации имеющейся информации по генофонду хлопчатника ИГЭБР АН РУз, НИИССХАВ и НИИР МСВХ РУз, НУУз им. М.Улугбека. Собрана и проанализирована информация по характеристикам генофонда хлопчатника имеющейся в ИГЭБР АН РУз. Проведена работа по унификации и стандартизации собранной информации по характеристикам, а также систематизации баз данных с целью создания Национальной инфо. системы по генофонду хлопчатника. Проведена работа по разработке принципов систематизации и выборов критериев объединения различных баз данных в зависимости от вида информации, объема и т.д. Проведена работа по составлению основных дескрипторов по характеристикам. Начата работа по разработке на

научной основе методических подходов составления списка дескрипторов по хлопчатнику. За период исследований формированы электронные таблицы информационной системы в базу данных, подготовленные на основе составленного ранее основных дескрипторов по характеристикам генофонда хлопчатника ИГиЭБР АН РУз и введена информация по 22 параметрам, включающих 15 основных показателей морфобиологических и хозяйственно-ценных признаков 6315 коллекционных образцов в компьютер за период 2007-2010 годов изучения. Проведена работа по формированию паспортных данных генофонда хлопчатника НИИССХАВ и НИИР МСВХ РУз в общем количестве 18178 образцов (НИИССХАВ- 12260 обр., НИИР- 5918 обр.). Ведется анализ данных по характеристикам коллекционных образцов мирового генофонда хлопчатника НИИССХАВ и НИИР МСВХ РУз за 2001-2010 годов изучения для последующего включения их в Национальную информационную систему. Начата работа по проектированию запросов данных и созданию форм представления информации по характеристикам генофонда хлопчатника, сохраняемых в Лаборатории систематики и интродукции хлопчатника ИГиЭБР АН РУз. Сконструированы 17 видов запросов для общего пользования, сформированные на базе информационной системы «САС-DB». Созданы 7 форм представления информации в двух видах: в режиме просмотра и редактирования.

Также проводится работа по сбору, анализа и подготовке информации по характеристикам генофонда хлопчатника ИГиЭБР АН РУз с целью издания электронного каталога. Планируется в последующих этапах исследований проводить подготовительные работы по формированию Интернет-версии базы данных и разместить ее в веб-сайте института, что позволит открыть доступ мирового генофонда хлопчатника ИГиЭБР АН РУз широкому кругу пользователей виртуального пространства.

Таким образом, созданная Национальная информационная система по генофонду хлопчатника будет служить для повышения эффективности его сохранения, документирования, управления и целенаправленного использования гермоплазмы и информации в различных исследовательских программах, обеспечивающие перехода генетико-селекционных исследований на новый технологический уровень а также позволит привлечь внимание для регионального и международного сотрудничества, что откроет возможность выхода республики на международную арену. Созданная информационная система будет уникальной и специфичной, в которой будет сконцентрирована комплексная информация по генофонду хлопчатника республики, характерная именно для региона Центральной Азии и Южного Кавказа, не имеющая аналогов в мире.

СОЯ – (*GLYCINE MAX L.*) ЎСИМЛИГИНИ ГЕНОФОНДИ.

Абзалов М.Ф., Аманов А.М., Тулаев Х.Б.

ЎзРФА Генетика ва ўсимликлар экспериментал биологияси институти

111226, Тошкент вилояти, Қибрай тумани, Юқори-юз махалласи.

igebr_anruz@genetika.uz.

Ўзбекистон Республикаси Фанлар Академияси Генетика ва Ўсимликларни Экспериментал Биологияси институтида сояни 130 дан ортиқ ботаник коллекция намуналари йиғилган. Илмий тадқиқотлар натижасида унинг биоморфологик белгилари бўйича 40 дан ортиқ генетик коллекция тизмалари ажратилган.

Генофондан фойдаланиш натижасида ажратилган тизма ва ботаник коллекция намуналари ўзининг ўсув даври бўйича ультра – тезпишар, тезпишар, ўрта тезпишар ва кечкиларга тақсимлаш мумкин. Ўсимликни ўсиши бўйича – пакана, ўрта бўйли ва баланд бўйли, ўсиш типи бўйича детерминант, яримдетерминант ва индетерминант гуруҳларга ажратиш мумкин. Донининг ранги бўйича – сарик, қизил жигарранг, жигарранг, яшил, қора, олабула рангли тизма ва намуналарга, гуллаш биологияси бўйича гуллари асосан клейстогам, айрим ҳолларда 0.5-1% ҳашоратлар орқали чангланиб қолиши мумкин. Унинг генетик коллекция тизмаларини селекцион йўлда фойдаланиш натижасида икки нав Генетик-1 ҳамда Сочилмас Давлат Реестрига киритилган ва асосий ҳамда такрорий экин сифатида фойдаланишга тавсия этилган. Республикада ғўза буғдой алмашлаб экиш жорий бўлиши сабабли, кузги буғдойдан кейин такрорий экин учун мос, соя навини тадқиқ этиш ва шу билан буғдойдан кейин ерни унумдорлигини ошириш имконини бера оладиган навни ихтиро қилишга киришилди ва 2005 йили Давлат нав синовиға тезпишар (85-90 кун), оқсилга бой (50%), мойли (21%), фотонейтрал Генетик-1 навини топширилди. Бу нав 2008 йили нав сифатида жорийга киритилди ва 2009 йилдан Давлат реестрига киритилиб, ҳамма вилоятларга асосий ва такрорий экин сифатида экишга тавсия этилган. Иккинчи нав Сочилмас 2015 йилдан Давлат Реестрига киритилиб, асосий ва такрорий экин сифатида тавсия этилган. Бу навларнинг биоморфологиква хўжалик белгилари тавсифи қуйидагилар:

“Генетик-1” навининг ўсув даври – 85-90 кун, ўсимлик бўйи – 45-50 см, гулининг ранги – бинафша, буғинлар сони - 10-11 дона, ўсимликдаги дуккаклар сони - 20-80, 1 бўғиндаги дуккаклар сони - 2-11, дуккакдаги дон сони - 1-3, 1000 та дон оғирлиги - 125 гр, оқсилдорлиги - 50 %, мойдорлиги – 21 %, ҳосилдорлиги иккинчи экинда – 20-25 ц.га.

“Сочилмас” навининг ўсув даври – 90-95 кун, ўсимлик бўйи – 60-85 см, гулининг ранги оқ, бўғинлар сони - 18-20 дона, ўсимликдаги дуккаклар сони – 90-130, 1 бўғиндаги дуккаклар сони - 5-6, дуккакдаги дон сони - 2-3, 1000 та дон оғирлиги - 130-140 гр, оқсилдорлиги - 40 %, мойдорлиги – 22-23 %, ҳосилдорлиги иккинчи экинда – 25-30 ц.га.

ЎЗАНИНГ ЯНГИ БАРГ ШАКЛИНИ РИВОЖЛАНТИРУВЧИ МУТАНТ ГЕН orl НИ ДУРАГАЙ АВЛОДЛАРДА ИРСИЙЛАНИШИ.

Абзалов М.Ф., Йўлдошев А.А.*

ЎзРФА Генетика ва ўсимликларни экспериментал биологияси институти,
111226, Тошкент вилояти, Қибрай тумани, Юқори-юз маҳалласи.

igebr_anruz@genetika.uz

* Андижон Давлат Университети,
agsu_info@adu.uz

Мутант генли Л-1 тизмани барг шакли беш киртикли бўлиб, киртиклари жуда кам ривожланган ва барг шакли думалоқрок, генотиби orlorl, ўсимликда моноподия шоҳлари 5-6 тадан, яшил ўсимлик, ҳосил шоҳи чекланмаган, генотиби SS. Л-490 тизмани барглари ўта бешқирқимли, қирқимлари 90-95% ли генотиби OslOsl, ҳосил шоҳи чекланган, генотиби ss, ўсимлик яшил рангда. С-2610 навини барг шакли бешкиртикли, киртиклари яхши ривожланган, генотиби olol, ҳосил шоҳлари чекланмаган, генотиби SS. Бу генларни ва улар назорат қилувчи белгилар барг шаклини, ҳосил шоҳларини ирсийланишини ўрганиш учун қуйидаги типдаги дурагайлар ўрганилди. Л-490 х Л-1, Л-1 х Л-490, (Л-1 х Л-490) х С-2610. Реципрок F1 ўсимликларни барг шакли беш кесилган бўлиб, ҳосил шоҳлар чекланмаган бўлди. F2 ўсимликлари 298 та бўлиб, белгилар бўйича қуйидаги фенотипик классларни ташкил қилди: 1) 52 ўта бешқирқимли, чекланмаган, 2) 117 та беш кесилган, чекланмаган, 3) 50 та ўтабешкиртикли (думалоқ) чекланмаган, 4) 22 та ўта бешқирқимли, чекланган, 5) 37 та бешкесилган, чекланган ва 6) 20 та бешкиртикли (думалоқ), чекланган. Экспериментал далиллар 3:6:3:1:2:1 назарий нисбатга мос келиб, $\chi^2=1.85$, $P=0.80-0.50$ ни ташкил этди. Оддий бешкиртикли баргли С-2610 билан олинган F1(Л-1 х Л-490) х С-2610 беккрос дурагай ўсимликлар сони 71 та бўлиб, 34 таси чекланмаган, бешкесилган, 37 таси чекланмаган, бешкиртикли бўлиб, нисбатлари 1:1, $\chi^2= 0.12$, $P=0.80-0.50$ бўлди. Л-1 х С-2610 F1 ўсимликларни барг шакли бешкиртикли ва ҳосил шоҳлари чекланмаган, F2 да ўсимликлар 129 та бўлиб, икки фенотипик гуруҳни ташкил қилди. 103 чекланмаган, бешкиртикли ва 26 та ўсимлик чекланмаган ўта бешкиртикли (думалоқ) бўлиб, назарий нисбат 3:1 мос келди, $\chi^2=1.21$, $P=0.50-0.20$. Олинган экспериментал далилларга қуйидагича генетик тушунча бериш мумкин.

Ўта бешқирқимли, чекланган Ўта беш киртикли (думалоқ), чекланмаган

Р ♀ OslOslss х ♂ orlorlSS

F1 OslorlSs

Бешкесилган, чекланмаган

F2

Генотип	Фенотип	
1. OslOslSS – 1	ўта бешқирқимли, чекланмаган	– 1
2. OslOslSs – 2	ўта бешқирқимли, чекланмаган	– 2
3. Osl orlSS – 2	бешкесилган, чекланмаган	– 2
4. OslorlSs – 4	бешкесилган, чекланмаган	– 4
5. orlorlSS – 1	ўта бешкиртикли (думалоқ), чекланмаган	- 1
6. orlorlSs – 2	ўта бешкиртикли (думалоқ), чекланмаган	- 2
7. OslOslss – 1	ўта бешқирқимли, чекланган	– 1
8. Olorlss – 2	ўта бешкесилган, чекланган	– 2
9. orlorlss – 1	ўта бешкиртикли (думалоқ), чекланган	– 1

Олинган натижалар шундан далолат бермоқдаки ҳосил шоҳларини назорат қилувчи S-s, гени ва барг шаклини назорат қилувчи Osl-ol, ҳар – хил гомологик хромосомаларда жойлашган бўлиб, янги мутация orl , ol генга нисбатан рецессив ва Ol генини янги серияси orl деб ҳисобласа бўлади.

ДИСПЕРСИОННЫЙ АНАЛИЗ КАЧЕСТВА ВОЛОКНА НЕКОТОРЫХ ЛИНИЙ ХЛОПЧАТНИКА

Азимов А.А., Аюбов М.С., Адылова А.Т.

Центр геномики и биоинформатики АН РУз
111215, Ташкентская обл., Кибрайский район, ул. Университетская, д. 2
azimov_a_a@mail.ru

Изучение достоверных различий, зависимостей и взаимосвязей между явлениями и процессами и количественная оценка значимости этих взаимосвязей и различий с некоторой допустимой вероятностью имеет большое значение в науке, особенно в современной биологии и генетике. В селекционном процессе для определения различий между средними значениями парных показателей разных генотипов применяется однофакторный дисперсионный анализ (one-way ANOVA).

С целью оценки различий по основными хозяйственно-ценными показателями между новым гибридным сортом хлопчатника And-35 x SynB (1-комбинация) и его исходными родителями нами были образованы выборки, состоящие из гибридных комбинаций третьего беккросс поколения BC3F4, полученного путем скрещивания реципиентного сорта Андижан-35 (And-35) с донорной линией SynBian (SynB), полученный с помощью технологии «ген - нокаут».

Каждая выборка состояла из количественных данных, соответствующих значениям основных хозяйственно-ценных показателей качества сорта: Mic – микронейр, Str – удельная разрывная нагрузка, Len – верхняя средняя длина волокна, Unf - индекс равномерности по длине, Elong – удлинение при разрыве, Fiber yield – выход волокна.

Для достижения поставленной цели использована программная процедура однофакторного дисперсионного анализа из пакета SPSS с объединением всех трех выборок в одну общую группу и оформлением ее в виде отдельного компьютерного файла.

До проведения однофакторного дисперсионного анализа выполнена предварительная статистическая обработка исходных данных и получена таблица описательной статистики по всем трем вариантам генотипов: гибрид, реципиент и донор. Данная таблица содержала значения таких статистических характеристик, как среднее, нижняя и верхняя граница 95% доверительного интервала для среднего, 5% усеченное среднее, медиана, дисперсия, стандартное отклонение, минимум, максимум, размах, межквартильный размах, асимметрия, эксцесс и графики по всем основным хозяйственно-ценным показателям. Далее, для проверки распределения данных на нормальность, которую требует условие выполнения дисперсионного анализа, были произведены расчеты статистики и значимости по критериям Колмогорова-Смирнова и Шапиро-Уилки. Для проверки однородности дисперсий, что также является условием выполнения анализа, были определены статистика и

значимость теста Ливиня, кроме того, был проведен тест Уэлча для проверки равенство средних.

Так как результаты предварительной статистической обработки не противоречили проведению однофакторного дисперсионного анализа, полученные расчеты данного анализа показали на наличие существенных различий между группами.

Следующим шагом было проведение апостериорного сравнения для выявления того, между какими группами и по каким показателям имеются различия. Для этого были проведены тесты так называемого наименьшего значимого различия (НЗР) Тьюки и Бонферрони. По этим тестам все показатели при парном сравнении групп различались с высокой вероятностью ($p < 0.0001$), кроме одной пары – And-35 и SynB. В данной паре средние показателей Mic, Elon и Fiber yield не имели существенные различия (соответственно по НЗР Тьюки и Бонферрони $p < 0.139$; $p < 0.846$; $p < 0.289$ и $p < 0.139$; $p < 1.000$; $p < 0.867$).

На последнем этапе, из-за малости объема выборки ($N=57$) проведенный тест непараметрической статистики по критерию Краскела-Уоллиса показал на достоверные различия между исследованными генотипами по всем показателям.

Таким образом, дисперсионный анализ представляет исследователю ценные результаты для оценки того, насколько изменился тот или иной показатель качества у вновь созданных сортах и позволяет судить о степени соответствия этих результатов, полученных для выборки, на всей генеральной совокупности.

**G.BARBADENSE L. ТУРИЧИ ХИЛМА-ХИЛЛИКЛАРИНИ ДУРАГАЙЛАШ
АСОСИДА АЖРАТИБ ОЛИНГАН ОИЛАЛАРДА АЙРИМ МОРФО-
ХЎЖАЛИК БЕЛГИЛАРИНИНГ КОРРЕЛЯЦИЯСИ**

Аманов Б.Х., Ризаева С.М., Шоназарова М.У.

Генетика ва ўсимликлар экспериментал биологияси институти,
111226, Тошкент вилояти, Қибрай тумани, Юқори-юз махалласи.
amanov.81@bk.ru

Ѓўза ўсимлигидаги морфо-хўжалик белгиларнинг ирсийланишининг асосий хусусияти уларнинг бир-бири билан ўзаро боғлиқлигидадир. Шунинг учун, ғўза селекциясида белгиларнинг ўзаро узвий боғлиқлик даражасини ўрганиш муҳим аҳамият касб этади. Кўплаб олимларнинг изланишларида ушбу йўналишдаги ишлар ўз ифодасини топган. Қимматли хўжалик белгилари орасидаги боғлиқликни ўрганиш борасида кўплаб илмий изланишлар амалга оширилган.

Тадқиқот объекти сифатида ЎзР ФА ГваўЭБИ Ѓўза систематикаси ва интродукцияси лабораторияси ғўза генофондида сақланаётган *G.barbadense* L. турининг турли агроэкосистемаларга мансуб маданий тропик шакли *ssp. vitifolium* (Бразилия) ва *ssp. eubarbadense* («Қарши-8» нави, Ўзбекистон) кенжа турларини туричи дурагайлаш асосида олинган оилалардан фойдаланилди.

Тажрибада иштирок этган оилалар популяцияларида «кўсак диаметри» билан «битта кўсакдаги пахта вазни», «кўсак узунлиги» билан «тола узунлиги» белгилари ўртасидаги узвий боғлиқлик даражаси ўрганилди.

Олиб борилган илмий изланишларимизда дурагай оилалари популяцияларида кўсак диаметри (мм) билан битта кўсакдаги пахта вазни (г) белгилари орасидаги

боғланишга алоҳида аҳамият қаратдик. Олинган маълумотлар шуни кўрсатдики, «Оила 2» ва «Оила 9» популяцияларида ушбу белги орасидаги корреляция коэффициентлари $r = 0,02$ дан $r = 0,04$ гача кучсиз ижобий, қолган барча оила гуруҳларида эса $r = 0,15$ дан $r = 0,33$ гача ўртача ижобий равишда боғланишга эга эканлиги аниқланди.

Изданишлар давомида «кўсак узунлиги» билан «тола узунлиги» орасидаги узвий боғлиқлик даражасини аниқлаш бўйича таҳлилларга кўра, «Оила 8», «Оила 2» популяцияларида ($r = 0,0004$; $r = 0,0008$) жуда кучсиз, «Оила 3», «Оила 6», «Оила 7», «Оила 9» популяцияларида ($r = 0,02$) кучсиз, фақатгина «Оила 1» популяциясида ($r = 0,15$) ижобий ўртача равишдаги узвий боғлиқлик кузатилди.

Натижалар таҳлили шуни кўрсатдики, «кўсак диаметри» билан «битта кўсакдаги пахта вазни», «кўсак узунлиги» билан «тола узунлиги», белгиларининг ўртасидаги узвий боғлиқлик деярли барча оила популяцияларида маълум даражада мавжудлигини кўрсатди, бу ўз навбатида бу борада амалга ошириладиган генетик-селекцион изланишлар ўз самарасини намоён этишга замин яратади.

ДЎЗАНИНГ ЭКОЛОГО-ГЕОГРАФИК ВА ГЕНЕТИК УЗОҚ ДУРАГАЙЛАРИНИНГ КЎСАК ҚУРТИГА БАРДОШЛИЛИГИ

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

Пахта селекцияси, уруғчилиги ва етиштириш агротехнологиялари ИТИ,
111218, Ўзбекистон, Тошкент вилояти, Қибрай тумани, Университет кўчаси
paxtauz@mail.ru

Бугунги кунда ўзанинг ашаддий зараркунандаси кўсак қуртига (*Heliothis armigera* Hbn.) бардошлилигини таъминлаш ҳамда нисбатан резистент ўза навларини яратиш долзарб муаммолардан бири ҳисобланади.

Маълумки, ўзанинг кўсак қуртига ҳамда сўрувчи зараркунандаларга бардошлилиги бир қатор терпеноид бирикмалар, флавоноидлар, ёғ кислоталари ва таннин моддаси билан таъминланади. Шунингдек, ўзанинг табиий бардошлилиги унинг бир қанча аллелокимёвий бирикмаларидан тузилган комбинациялар билан ҳамда маълум ўза навидаги госсипол моддасининг миқдори, даражаси ва ўсимликнинг қайси қисмида жойлашганлигига қараб аниқланади.

Аввалги йиллардаги кўп йиллик изланишларимиз натижасида чигитида (+)-госсипол миқдори юқори ҳамда хўжалик учун қимматли белгиларнинг ижобий мажмуасига эга бир қатор янги ўза дурагайлари, оилалари ва тизмалари ажратиб олинган.

Мазкур мақолада чигити таркибида (+)-госсипол шакли турли миқдорда бўлган нав-намуна, тизмалар ва ўзанинг эколого-географик ва генетик узоқ F7 дурагайлари кўсак қурти билан сунъий зарарлантириш орқали олинган тадқиқот натижалари таҳлил қилинди. Таҷрибалар қабул қилинган услубда ўтказилди.

Тадқиқот натижаларига кўра, маҳаллий навлар ҳамда чигити таркибида (+)-госсипол миқдори юқори бўлган АҚШдан келтирилган ВС3S1-1-6-3-15 намунаси кўсак қурти билан нисбатан кам зарарланганини (40%), маҳаллий навлар (С-6524, С-6530, С-6532) эса нисбатан кўпроқ зарарланганини (55-60%) аниқладик. Паст (+)-госсиполга эга ёхуд госсиполсиз тизмалар (Т-10/04, Т-16/04) тегишли равишда 45,0-50,0% зарарланганини кузатдик.

Шунингдек, маҳаллий С-6524, С-6530, С-6532 навлари ҳамда чигити таркибида (+)-госсипол миқдори юқори бўлган АҚШ (BC3S1-47-8-1-17, BC3S1-1-6-3-15) намуналари иштирокида олинган F7 дурагайларининг кўсак курти билан зарарланиш даражаси чигит таркибидаги (+)-госсипол миқдори бўйича икки гуруҳга ажратилиб (юқори ва паст госсиполли) таҳлил қилинди.

Эколого-географик ва генетик узоқ F7 дурагай-комбинацияларни ўзаро таққослаш натижалари юқори (+)-госсиполга эга F7 BC3S1-1-6-3-15 х С-6530 дурагайининг кўсак курти билан нисбатан энг кам зарарланганини (40%) ва паст (+)-госсиполли F7 BC3S1-1-6-3-15 х С-6532 комбинацияси (25%) кўрсатди. Кўсак курти билан кучли даражада зарарланиш юқори (+)-госсиполга эга дурагайлاردан F7 BC3S1-47-8-1-17 х С-6532 комбинацияси (70%) ва паст (+)-госсиполга эга F7 BC3S1-47-8-1-17 х С-6532 дурагайларида эса 40% бўлганлиги аниқланди. Қолган барча паст (+)-госсиполли ҳамда юқори (+)-госсиполли дурагай-комбинациялари кўсак курти билан деярли бир хил зарарлангани қайд этилди.

Шуни таъкидлаш жоизки, BC3S1-47-8-1-17 намунаси иштирок этган паст ва юқори (+)-госсиполли дурагайларининг барчаси BC3S1-1-6-3-15 намунаси иштирокидаги паст ва юқори (+)-госсиполли F7 дурагайларига нисбатан кўсак курти билан камроқ зарарланишди.

Лаборатория шароитида сунъий муҳит петри чашкаларида олиб борган тадқиқотларимиздан олинган натижалар асосида ғўзанинг чигити таркибида (+)-госсипол миқдори юқори бўлган BC3S1-1-6-3-15 намунаси BC3S1-47-8-1-17 намунасига нисбатан кўсак куртига бардошли эканлиги, ҳамда BC3S1-1-6-3-15 намунаси иштирокида олинган F7 дурагайларида юқори (+)-госсипол миқдори ва кўсак куртига бардошлилик ижобий тарзда шаклланганлигини хулоса қилиш мумкин.

ЦИТОЛОГИЧЕСКИЕ ОСОБЕННОСТИ МЕЖВИДОВЫХ ГИБРИДОВ F₁ С ЗАМЕЩЕНИЯМИ ОТДЕЛЬНЫХ ХРОМОСОМ.

Бобохужаев Ш.У., Санамьян М.Ф.

Национальный Университет Узбекистана им.М.Улугбека.
100174. Узбекистан. г. Ташкент, Вузгород, Ул. Университет -4
bobohujayev@mail.ru

Генетическое разнообразие является основой любой сельскохозяйственной культуры. Хлопчатник вида *G. hirsutum* L. ценится за исключительный урожай и хорошие свойства волокна, в то время как другой культивируемый вид - *G. barbadense* L. имеет исключительно хорошее качество волокна, но, в целом, более низкий выход волокна [Saha et al., 2011].

В НУУз на протяжении ряда лет проводятся исследования по получению межвидовых хромосом-замещенных моносомных форм. Среди 28 гибридных семей с помощью цитогенетического анализа выделили 35 межвидовых хромосом-замещенных моносомных гибридов F₁, причем в четырех гибридных семьях (Мо7хPima 3-79, Мо60хPima 3-79, Мо62хPima 3-79 и Telo12хPima 3-79) было обнаружено по два моносомных гибрида, а в двух гибридных семьях (Мо58хPima 3-79 и Мо59хPima) - по три гибридных моносомника.

Обнаруженные гибридные моносомные формы с замещениями отдельных хромосом характеризовались присутствием на стадии метафаза I мейоза 25 бивалентов и одного унивалента. У 20 моносомных гибридных растений были обнаружены униваленты большого размера, тогда как у семи моносомных гибридных форм – униваленты среднего размера и восемь моносомных гибридных растений характеризовались унивалентами мелкого размера, которые представляли собой хромосому вида *G. barbadense* L.

Анализ тетрад проводился у двух исходных линий (Л-458 вида *G. hirsutum* L. и Pima 3-79 вида *G. barbadense* L.), а также у 21 гибридного моносомного растения хлопчатника. Сравнительный анализ моносомных гибридных форм выявил снижение мейотического индекса у шести гибридных форм, в том числе с замещением по хромосомам **4, 6 и 18**, по сравнению с исходными формами.

Анализ фертильности пыльцы у двух исходных линий (Л-458 вида *G. hirsutum* L. и Pima 3-79 вида *G. barbadense* L. и гибрида F₁ (Л-458хPima 3-79) обнаружил снижение фертильности (до 80,78±2,90 %). Изучение 18 гибридных моносомных форм после окраски ацетокармином обнаружило различия между гибридными моносомниками по фертильности (от 68,37±1,37 у гибридного моносомника Мо92хPima 3-79 до 89,72±0,90 % у гибридного моносомника Мо59хPima 3-79). У двух гибридных моносомников (Мо48хPima 3-79 и Мо50хPima 3-79) наблюдалось варьирование фертильности пыльцы в отдельных цветках, что объяснялось несбалансированностью гапло-дефицитных гамет у гибридных моносомников.

Проведенный в Центре Геномики и Биоинформатики АН РУз молекулярно-генетический анализ с помощью хромосом-специфичных SSR-маркеров типа BNL, GH, CIR, TBM, JESRP, ранее локализованных на хромосомах, позволил идентифицировать моносому из 35 моносомных гибридов только 18, тогда как остальные 17 моносомных гибридных форм ещё ждут своего анализа. Среди них были идентифицированы пять различных негомологических хромосом генома хлопчатника (хромосомы 2, 4, 6 A₁-субгенома и хромосомы 18 и 20 или 22 D₁-субгенома), а также одна телоцентрическая хромосома 6 A₁-субгенома. Таким образом, хромосом-замещенные формы представляют новый генетический ресурс для улучшения *germplasm* хлопчатника.

ХАРАКТЕРИСТИКА СТАРОДАВНИХ МЕСТНЫХ СОРТОВ ПШЕНИЦЫ УЗБЕКИСТАНА ПО КАЧЕСТВУ ЗЕРНА

Буранов. А.К., Бабоев С.К.

Институт генетики и экспериментальной биологии растений АНРУз
111226, Ташкентская область, Кибрайский район, пос. Юкори-юз
Buronov85@mail.ru.

Глобальное изменение климата, отрицательно влияя на урожайность с/х культур, стало причиной недостатка продовольственных продуктов в некоторых регионах планеты. Признаки его наблюдаются в ряде стран Африки (Сомали, Кения, Эфиопия). Рост населения, «демографический взрыв», усиливает этот процесс. Обеспечение продовольственной безопасности стало глобальной проблемой XXI века, и она ждет своего решения [1].

Глобальный и региональный рост населения Центральной Азии и Кавказа требует увеличение производства пшеницы в количественном и в качественном отношении. Прогнозируются различные модели изменения климата - повышение температуры во время вегетации может стать причиной засухи [2]. В ряде стран производство пшеницы увеличивается за счет использования интенсивной технологии орошения. Это приводит к ухудшению питательных свойств хлеба.

Материалы и методы. В качестве материала для исследования были взяты стародавние местные сорта мягкой пшеницы, собранные из отдаленных регионов Узбекистана.

Содержание сырой клейковины и показателей ИДК определяли по ГОСТ 135861[9].

Результаты исследований. При проведении регулярных экспедиций к горным и предгорным регионам Узбекистана были собраны многочисленные образцы местных стародавних сортов пшеницы и с помощью прибора JPS-навигации, определены основные места возделывания, площадь посева и распространенность данного стародавнего сорта среди местного населения. В результате этих исследований и многочисленных опросов местного населения был составлен каталог и карта распространения стародавних сортов в Узбекистане [3].

Одной из важных сторон этих сортов является то, что они сохраняют высокие качества и в условиях полива, это позволяет использовать их в качестве донора при создании новых сортов с хорошими хлебопекарными качествами.

Анализ содержания сырой клейковины и значения ИДК показали, что содержание клейковины было высоким у всех образцов стародавних сортов, по сравнению с контрольным сортом Сурхак, а также со всеми коммерческими сортами, возделываемыми в республике.

По качеству клейковины отличались все образцы сорта Кизил бугдай и один образец из Теракли Кашкадарья сорта Ок бугдай, которые имели хорошее качество. Остальные два образца сорта Ок бугдай и один образец сорта Сурхак, хотя и имели высокое содержание клейковины, но их качество было оценено удовлетворительно слабым, один образец контрольного сорта Сурхак имел низкое содержание клейковины - 26%-, и качество было оценено неудовлетворительно слабым (таблица). Среди собранных образцов были сорта без названия, которые также имели хорошие хлебопекарные качества.

Использованная литература.

1. Cumhuri Aydinalp and Malcolm S. The Effects of Global Climate Change on Agriculture.// American-Eurasian J. Agric. & Environ. Sci., 2008. 3 (5). P. 672-676.
2. Продовольственная и сельскохозяйственная организация ООН (ФАО). 2014. Положение дел с продовольственной нестабильностью в мире, 2015. Рим, Италия.
3. Baboev S., Morgounov A., Muminjanov H. Wheat landraces in farmers' fields in Uzbekistan. Food and Agriculture Organization of the United Nations. Ankara, 2015. P. 31

ИЗУЧЕНИЕ СТАРОДАВНИХ МЕСТНЫХ СОРТОВ ПШЕНИЦЫ УЗБЕКИСТАНА ПО ЗАПАСНЫМ БЕЛКАМ.

Буранов. А.К.

Институт генетики и экспериментальной биологии растений АНРУз
111226, Ташкентская область, Кибрайский район, пос. Юкори-юз
Buronov85@mail.ru.

Современная селекция основана на маркер ассоциированной селекции. Оценка селекционного материала на основе белковых маркеров дает возможность достаточно быстро и качественно проводить отбор и контролировать передачу желаемых признаков от родительских форм в гибридные популяции. Наиболее широко изучаемыми белками пшеницы являются запасные белки глиадины и глютенины. Полная характеристика отдельных фракций и компонентов белков отражается во многих научных исследованиях. Поэтому изучение генетических закономерностей накопления белков в зерне различных сортов пшеницы и использование при идентификации генотипов пшеницы в роли маркеров компонентов глиадиновых белков является наиболее актуальной проблемой современности [1,2].

Материалы и методы. В качестве материала для исследования были взяты стародавние местные сорта мягкой пшеницы, собранные из отдаленных регионов Узбекистана.

Для исследования запасных белков эндосперма зерновок (глиадинов) использовался метод одномерного электрофореза в полиакриламидном геле в кислом алюминий-лактатном буфере, рН 3,1, [3]. Глиадин экстрагировали 70% этанолом из муки отдельных зерновок. У каждого сорта анализировалось от 25 до 100 зерен в зависимости от количества материала и обнаруженной внутрисортовой гетерогенности. Для составления белковых формул использовали эталонный спектр, в котором 30 компонентов разделяли на α -, β -, γ -, ω -зоны.

Результаты исследований. Как известно, электрофоретический спектр запасных белков зерна глиадинов и глютенинов генетически детерминирован и не зависит от условий выращивания.

Коммерческий сорт Сурхак, внесенный в список стародавних сортов был районирован в 50 годы прошлого века, и в течении более 70 лет возделывается в Узбекистана и занимает основные площади богарных зон. При электрофоретическом и морфологическом анализе разных образцов этого сорта были выявлены многочисленные примеси других сортов. Так как эти примеси встречались в основном в единичных колосьях и в малом количестве, мы их браковали, и выделили два сорта Сурхак из двух регионов, которые отличались по электрофоретическим спектрам глиадина.

Таким образом, идентификация стародавних местных сортов Узбекистана по электрофоретическим спектрам глиадина показала, что все образцы под названием Кизил бугдай с белым колосом и красным зерном, относящийся к разновидности *Erithrospertum*, произошли из одного сорта и сохранились в гомогенном состоянии. Образцы сорта Ок бугдай и Грекум относящийся к одним разновидностям *Graecum* оказались разными сортами одной разновидности. Образцы сортов без названия, относящиеся к разновидностям *Erithrospertum*, по эф. спектрам различаются как

между собой, так и от сорта Кизил бугдай, что свидетельствует о том, они произошли от разных генотипов.

Использованная литература.

1. Johansson. E., Prieto-Linde. M.L. and Jansson. J.Ц. Effects of wheat cultivar and nitrogen application on storage protein composition and bread making quality // Cereal Chemistry 2001. 78, P. 19-25.
2. Shewry P.R., Napier J.A., Tatham A.S. Seed storage proteins: structures and biosynthesis // The Plant Cell 7, 1995. P. 945-956.
3. Bushuk W. and Zillman R.R. Wheat cultivar identification by gliadin electrophoregrams. I. Apparatus, method and nomenclature // Cand. J. Plant Sci., 1978, vol. 58, P. 505-515.

ОДИН ИЗ ЭФФЕКТИВНЫХ МЕТОДОВ СОЗДАНИЯ МЕЖВИДОВЫХ ГИБРИДОВ ОПЫЛЕНИЕМ СМЕСЬЮ ПЫЛЬЦЫ БЕЗ КАСТРАЦИИ

Каримов Э.Ё., Шеримбетов А.Г., Ахмеджанов А.Н., Мамарузиев А.А.,
Дадажанов Ж.Р.

Институт генетики и экспериментальной биологии растений АНРУз
111226, Ташкентская область, Кибрайский район, пос. Юкори-юз
sheranvar@mail.ru

Большинство селекционных работ связанных с гибридизацией проходят через различные обработки. Такие как облучение, химическая обработка, тепловые действия на семена, цветки, завязи, на точку роста и т.д. для того, чтобы найти отцовский донор, который мог бы при межвидовых скрещиваниях пройти барьер избирательности и нескрещиваемости и в конечном итоге оплодотворить чужеродную завязь.

Почти перед всеми работами связанными с межвидовой гибридизацией существует барьер нескрещиваемости видов. Во всех хлопкосеющих государствах год за годом повышаются требования по скорейшему созданию средневолокнистых IV типов волокна, и в дальнейшем эти требования будут возрастать. Одним словом методом межвидовой гибридизации возможно улучшение таких признаков как устойчивость к болезням, вредителям, прочности тонины и длины волокна.

Изучая работы многих исследователей, мы приходим к выводу, что при кастрировании наносится физический вред скрещиваемому цветку, тычиночной колонке, рыльцу пестика и других органов. В наших исследованиях мы решили обойти процесс кастрации цветков, удаляя часть пыльцы 50-60% ручным способом и наносить нежной кисточкой на рыльце обильную смесь пыльцы другого вида смешивая оставшейся пыльцой своего вида. Оставшаяся своя пыльца 30-40% в данном случае играет активирующую и стимулирующую роль в процессе оплодотворения. Данный метод позволяет за сравнительно короткие сроки, т.е. с F1 делать направленный отбор по необходимым недостающим признакам и выравнивания выделенного материала. По проведенным данным исследователей [2.3] говорится что эффективность метода заключается в том, что в этом случае меняются единичные признаки и эти признаки появившиеся в первом поколении в дальнейшем сохраняются, закрепляются и стабилизируются, этот фактор чрезвычайно важен. Также вышеупомянутые исследователи считают, что процент фертильности заложившихся семян увеличится, если в качестве материнской формы

используется не чистый вид, а позднее поколение межвидовых гибридов [1]. Трудная скрещиваемость видов с разными геномами объясняется нарушением генетической системы контроля признаков, вызывающих в дальнейшем летальный исход, сопряжённый с улючностью семян в коробочке и дальнейшим её опадением. При нашем методе эти нарушения снижаются до минимума, для ведения научно-исследовательских работ и скорейшего получения необходимого выровненного материала в плане создания сортов этот метод является актуальным и целесообразным.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ.

1. Симонгулян Н.Г. и др. Генетика, селекция и семеноводство хлопчатника// Ташкент 1987. С. 155-158.
2. Арутюнова Л.Г. Повышение избирательной способности отцовской пыльцы в семеноводстве// Ташкент 1964 г. С 149-158
3. Тер-Аванесян. Новые методы в селекции хлопчатника// Ленинград 1954. С. 110-114.

ҒЎЗАНИНГ ИСТИҚБОЛЛИ ЎЗФА-705 НАВИ ПОПУЛЯЦИЯСИ ТАРКИБНИНГ ТАКОМИЛЛАШУВИ ВА МУВОЗАНАТИНИ САҚЛАНИШИ ОМИЛЛАРИ Қаҳҳоров И.Т., Қодирова М.Р.

Ўзбекистон Республикаси Фанлар Академияси
Генетика ва ўсимликлар экспериментал биологияси институти
111226, Юқори-Юз, Қибрай тумани
igebr_anruz@genetika.uz

Дурагайлаш, биотехнология ва ҳар хил кимёвий моддалар таъсирида, рентген нурлари, радиоактив жисмлар таъсирида организмлар наслини ўзгартириш билан генетик имкониятлари хилма-хил бўлган бошланғич ашёлар олинади (1,2). Зеро, бундай бошланғич ашёлар популяциясида рўй берадиган жараёнларни атрофлича ва чуқур ўрганиш, уларда қонуният асосида уюшган, генетик баланс ҳолга келган биотиплар мажмуасини бунёд этиш, ўзгарувчанлик диапазонини (кўламини) кенгайтириб, таркибида пластик (лабил) ўсимликлар гуруҳини ташкил этиш, хал қилувчи аҳамият касб этади (3,4). Ана шундай полиморфизм (серқирралилик) дурагайларнинг юқори даражадаги гетерогенлик ва гетерозиготалик ҳолати уларнинг популяцион таркибининг ҳаракатчанлигини (динамикасини) таъминлайди, ҳамда яққа танлаш услубини самарадорлигини оширади. Ўсимликларнинг барча сифат ва микдорий белгилари кўп сонли асосий ва модификатор генлар билан тартибланади (5,6,7,8).

Ҳозирда, яратилган юқори сифатли толали, тезпишар ва серҳосил навлар популяциясини бир неча авлодларда барқарорлигини ушлаб туриш муҳим муаммолардан бири бўлиб қолмоқда.

Шунга асосан, ғўзанинг истиқболли ЎзФА-705 навини популяциявий таркибини морфоҳўжалик белгилари бўйича мувозанатини сақланиши, неча биотип гуруҳлардан иборатлилиги ва бу қандай ирсий ва ноирсий омилларга боғлиқ бўлиши ўрганилди.

Олинган маълумотлар таҳлиliga кўра ЎзФА-705 навининг бош пояси баландлиги ўртача 100.9 см. га тенг бўлиб, умумий популяциянинг 83,4% ни ташкил этди, паст бўйли ўсимликлар 92.4 см. – 7.2 % ни, ўртачадан баланд ўсимликлар 112.6 см. -4,4 % ни, 125.5 см. -3,0 % ни, 135.5 см. - 2,0 % ни ташкил этди. Демак, ушбу навининг бош поя баландлигининг бутун популяция бўйича ўзгарувчанлиги ташқи муҳитга боғлиқ бўлган экан, чунки ўртача кўрсаткичга нисбатан фарқ қилган ўсимликларнинг миқдори паст ва баланд бўйлилариники тенг бўлган (7,2.-9.4%). Ҳосил шохида биринчи кўсак оралиғи ўртача 5.2 см ни ташкил қилиб, умумий популяцияда 1 см. интервал оралиғида 7 та синфга ажралди: 3.0-3.9; 4.0-4.9; 5.0-5.9; 6.0-6.9; 7.0-7.9; 8.0-8.9 ва 9.0-9.9 см бўлиб, ўсимликларнинг тақсимланиши мос равишда 3.8; 3.8; 3.8; 38.5; 11.5; 19.2 ва 19.2% га тўғри келди. Умумий популяциянинг 38.5% ни 6.0-6.9 см оралиғидаги ўсимликлар эгаллади. Кўсак шакли бўйича олинган натижалар думалоқ-0%: овалсимон-68.7%:тухумсимон-31.3% нисбатда, кўсакнинг учли ва учсизлиги бўйича 88.7%:11.3% нисбатда; учининг қайрилган ёки тўғрилиги бўйича 11.3:88.7% нисбатда; барги 100 % кафтсимон барг эга эканлиги, баргининг ўлчами бўйича (майда: ўртача: йирик) 7.5:92.5:0% нисбатда эканлиги аниқланди. Шундай қилиб, олинган маълумотларнинг таҳлили тажрибадаги ғўза навлари популяцияси бош поя баландлиги, бош поя ва ҳосил шохидаги биринчи кўсак жойлашган оралиғ, кўсак ва барг шакли каби морфоҳўжалик белгилар бўйича бир неча биотиплардан иборат эканлигини кўрсатди.

Демак, ғўзанинг янги ЎзФА-705, нави бош пояси баландлиги нисбатан бир хил бўлиб, ўртачадан (85-95%) паст ёки баланд ўсимликлар тенг миқдорда, хатолик доирасида жойлашган. ЎзФА-705 навининг бош пояси ва ҳосил шохидаги биринчи кўсак жойлашган оралиғи бўйича эса 7 та биотип гуруҳидан, кўсак шакли ва барг шакли бўйича 2 та биотип гуруҳидан бўлиб асосан навга хос бўлган гуруҳда ўсимликлар миқдори кўпчиликни (87-98%) ташкил этади. Бундан фарқланадиган биотиплар модификантлар бўлиши мумкинлигини тахмин қилса ҳам бўлади.

Юкоридаги таҳлиллардан маълумки янги тизмалар таркибида кенг ўзгарувчанлик имкониятига эга бўлган-пластик ҳамда барқарор гетероген генотиплар мажмуаси амалий селекция учун алоҳида аҳамият касб этади. Географик жиҳатидан узоқ турган ғўза навлари ва шакллари насл имкониятлари кўп қиррали (полиморф) ҳамда ташқи муҳит шароитларига тез мосланувчан, ирсий хазиnasi бой бўлган навларнинг популяциялари мувозанатини сақлаш, уларни таркибидаги биотиплар мажмуининг бир-бирини тўлдириб биргаликда сайқалланишига боғлиқ экан.

Фойдаланилган адабиётлар:

1. Вавилов Н.И. Избранные труды. Т. V. М., «Наука», 1965
2. Высоцкий К.А. Проблема закрепления гетерозиса отдаленных гибридов в семействе мальвовых. Генет. исслед. хлопчатника. Ташкент, Фан, 1971.
3. Дубинин Н.П. Общая генетика. Москва, Наука. 1966.
4. Лобашев М.Е. Генетические процессы в популяциях. Генетика, Л., Изд-во ЛГУ, 1967.
5. Мауер Ф.М. «Хлопчатник», Ташкент, т. I, 1954.
6. Максудов З.Ю. Значение экологически отдаленной гибридизации и отбора в селекции хлопчатника. Генет. иссл. хлопчатника, Ташкент, Фан, 1971.
7. Максименко И.Х. Отдаленная гибридизация растений. М.: Сельхозизд, 1990.

8. Мирахмедов С. Внутривидовая отдаленная гибридизация хлопчатника *G.hirsutum* L. на вилтоустойчивость. Ташкент, Фан, 1974.

**ЎРТА ТОЛАЛИ ҒЎЗАНИНГ ГЕОГРАФИК ВА ГЕНОТИПИК УЗОҚ
ШАКЛЛАРИНИ ДУРАГАЙЛАГАНДА 1000 ДОНА ЧИГИТИ
КЎРСАТКИЧИНИНГ ИРСИЙЛАНИШИ.**

Қаҳҳоров И.Т., Қодирова М.Р., Дусматова Г.А.

Ўзбекистон Республикаси Фанлар Академияси
Генетика ва ўсимликлар экспериментал биологияси институти,
111226, Юқори-Юз, Қибрай тумани
igebr_anruz@genetika.uz

Ғўза навлари морфо-биологик хусусиятлари, хўжалик аҳамиятига эга белгилари ва ҳар хил тупроқ-иқлим шароитларга мослашувчанлиги билан бир-биридан фарқ қилади. Навларнинг популяцияларини бир неча авлодларда морфо-хўжалик белгиларини ҳар хил тупроқ-иқлим шароитларга мослаштириш ва турғунлигини таъминлаш генетик таҳлил қилишни ва селекция-уруғчилик ишларини олиб боришни талаб қилади. Бу борада географик жиҳатдан бир-биридан узоқ турган шакл ва навлар дурагайларидан фойдаланиши муҳим аҳамиятга эга. Бундай дурагайлар авлодида ҳар хил имкониятга эга бўлган янги пластик генотиплар, морфобиологик ва хўжалик аҳамиятга эга, белгиларнинг ўзгарувчанлик кўлами кенг бўлган гетероген ва гетерозиготали (полиморф) биотиплар кўплаб бунёд этилади (1, 2, 3, 4, 5). Тажрибамизда манба сифатида ғўзанинг Австралия селекциясига мансуб 75007-11, Болгария селекциясига мансуб 146 навлари, маҳаллий селекция маҳсули Л-6161 ва Л-260 [Л-2708(*G.hirsutum*) х 9872 (Католог № Л-3852 *G.barbadense*)] тизмалари ва уларнинг диаллел равишда дурагайлаб олинган F0 уруғлик пахтаси хизмат қилди. Дурагайларда 1000 та чигити оғирлиги белгисининг ирсийланиш даражаси G.M.Beil, R.E.Atkins формуласи бўйича ҳисобланди ($h_p = (F1 - MP) / P - MP$; h_p – доминантлик коэффициенти; F1 – ўртача арифметик кўрсаткич; P – энг яхши ота ёки онанинг ўртача арифметик кўрсаткичи; MP – иккала ота-онанинг ўртача арифметик кўрсаткичи). Ғўза ўсимлигининг умумий ҳосилдорлигига тўғридан-тўғри таъсир қиладиган белгилардан бири унинг 1000 та чигити вазнидир. Тажрибаларимизда 1000 дона дурагай чигит вазнининг ирсийланиши ўрганилди. Ота-она сифатида олинган 75007-11, 146 навлар ва Л-6161, Л-260 тизмаларда 1000 та чигит вазни бўйича энг юқори кўрсаткич Л-260 тизмада 128.5 гр, ўртача кўрсаткич 75007-11 навда 120.0 гр ва Л-6161 тизмада 117.8 гр, энг паст кўрсаткич 146 навида 94.5 гр дан иборат. Дурагай чатишмаларининг (комбинация) 1000 та чигит вазнини таҳлил қилганимизда; 75007-11x146 комбинациянинг дурагайларида 1000 та чигит вазни ўртача 109,6 гр. ни ташкил қилди ва оралиқ доминантлик $h_p=0.19$ ирсийланиш даражаси, тескари 146x75007-11 чатишмаси (комбинация) чигит вазни ўртача 100.5 гр бўлиб, салбий гетерозис $h_p=-0.52$ ҳолати кузатилди. 75007-11 ва Л-260 навлари дурагайлари 1000 та чигит вазни ўртача 106.6 гр.ни ташкил қилиб, салбий гетерозис ($h_p=-4.1$), тескари чатишмаси дурагай чигитлари вазни 139.5 гр.ни ташкил қилиб, ўта устунлик ($h_p=3.5$) ирсийланиш даражаси, яъни гетерозис намоён бўлди. 75007-11 х Л-6161 чатишмаси дурагайининг 1000 та чигит вазни ўртача 100.9 гр., тескари

чатишмасиники 112.5 гр., устунлик даражаси мос равишда $h_p = -16.4$ ва $h_p = -5.8$ бўлиб, ўта салбий гетерозис ҳолати кузатилди (ота оналарининг кўрсаткичлари ва келиб чиқиши бўйича бир-биридан фарқ қилганлигидан бўлиши мумкин). Реципрок дурагайлаш учун танлаб олинган 146 нав ва Л-260 тизманинг 1000 та чигит вазни мос равишда 94.5 гр. ва 128.5 гр.ни ташкил этди. Бу навларни дурагайлаб олинган (146 x Л-260) комбинациянинг F₀ 1000 та чигит вазни ўртача 124.8 гр.ни ташкил қилган бўлиб, оралик ирсийланиш ($h_p = 0.78$) даражаси аниқланди. Бу навларнинг реципрок комбинациясининг F₀ дурагайлари чигит вазни 111.4 гр. ни ташкил қилиб, салбий кўрсаткичли 146 навининг тўлиқсиз устунлик ($h_p = -0.005$) даражаси кузатилди. Бундай ирсийланиш даражаси ота она сифатида олинган нав ва тизма кўрсаткичининг кескин фарқланишига (94.5 гр. ва 128.5 гр.) ва генотипига боғлиқ бўлиши мумкин. 146 нав ва Л-260 чатишмаси дурагайининг 1000 та чигит вазни ўртача 124.8 гр., тескари чатишмасиники 111.4 гр., устунлик даражаси мос равишда $h_p = 0.78$ ва $h_p = -0.005$ бўлиб, ўта салбий гетерозис ҳолати кузатилди. 146 x Л-6161 ва Л-6161 x 146 натижасида олинган дурагай чигитлар вазни мос равишда 133.4 гр.ни ва 119.4 гр.ни ташкил қилиб, бу белги бўйича ўта устунлик даражаси ($h_p = 2.3$ ва $h_p = 1.14$), гетерозис кузатилди. Л-260 ва Л-6161 олинган дурагайлари 1000 та чигит вазни ўртача 100.6 гр. ва 116.3 гр.га тенг бўлди ва салбий гетерозис ($h_p = -4.17$ ва $h_p = -1.26$) намоён бўлганлиги кузатилди, бу уларнинг келиб чиқишига боғлиқ бўлиши мумкин. Дурагайларда 1000 та чигит вазни бўйича энг юқори кўрсаткич Л-260x75007-11 чатишмасида 139.5 гр ва 146xЛ-6161 чатишмасида 133.4 гр.ни ташкил қилди. Ўртача кўрсаткич 146xЛ-260, Л-6161x146, Л-6161x75007-11, Л-260x146 ва Л-6161xЛ-260, чатишмаларида кузатилди. Энг паст кўрсаткич 75007-11 x146 (109.6 гр), 146x75007-11 (100.5 гр), 75007-11xЛ-260 (106.6 гр), Л-260xЛ-6161 (100.6 гр) ва 75007-11xЛ-6161 (100.9 гр) чатишмаларида аниқланди. Юқорида келтирилган реципрок дурагайларининг 1000 та чигити вазнининг ирсийланиш (h_p) даражаси таҳлил қилинганда, 75007-11x146 ($h_p = 0.19$), Л-260x75007-11 ($h_p = 3.5$), 146xЛ-260 ($h_p = 0.78$), 146xЛ-6161 ($h_p = 2.3$), Л-6161x146 ($h_p = 1.14$) чатишмаларида қисман ва ўта устунлик, ҳамда оралик ирсийланиш даражаси кузатилди. Қолган чатишмаларнинг барчасида салбий гетерозис ҳолатлари аниқланди. Демак, дурагай кўсақларнинг 1000 та чигити вазни белгиси бўйича тўлиқсиз ва тўлиқ устунлик, оралик ва ўта устунлик ирсийланиш даражалари кузатилиб, ирсийланиш даражаси ота она шакллариининг кўрсаткичларига, географик келиб чиқишига ва асосан генотипига боғлиқ экан.

Фойдаланилган адабиётлар:

1. Автономов В.А. Изменчивость, наследование признаков у географически отдалённых гибридов F₁-F₂ хлопчатника *G.hirsutum* L. // Состояние селекции и семеноводства хлопчатника и перспективы её развития: Мат. межд. науч. конф. – Ташкент, 2006, - С. 36-41.
2. Каххаров И.Т. и др. «Наследование и изменчивость некоторых количественных признаков у внутривидовых географически отдаленных гибридов». Межд. научно-практ. конф. Сб. «Теоретич. и практич. основы перспективы развития селекции и семеноводства». Мин. с/х. и водного хоз. Узб. научно-произ. центр с/х НИИ селекции и семен. хлопчатника. Ташкент, 2002, стр.47.
3. Каххаров И.Т. Показатели признака выхода волокна у географически отдаленных гибридных популяций F₂ хлопчатника вида *G.hirsutum* L. Узбекский биологический журнал. 2006, №6, стр. 55-58.

4.Мирахмедов С.М. «Внутривидовая отдаленная гибридизация хлопчатника». ФАН, 1974, с170.

5. Мусаев Д.А. Генетическая коллекция хлопчатника.// Ташкент, Фан. 1979. – 112 с

ЃЎЗАНИНГ *G.HIRSUTUM* L. ТУРИ ГЕОГРАФИК УЗОҚ ШАКЛЛАРИ ДУРАГАЙЛАРИНИНГ ГЕНОТИПИНИ БОЙИТИЛИШИ ЖАРАЁНЛАРИНИ ГЕНИТИК ТАҲЛИЛИ

Қодирова М.Р., Қахҳоров И.Т., Эргашев О.Р., Дусматова Г.А.

Ўзбекистон Республикаси Фанлар Академияси
Генетика ва ўсимликлар экспериментал биологияси институти,
111226, Юқори-Юз, Қибрай тумани
igebr_anruz@genetika.uz

Ѓўза-мамлакатимизда қишлоқ хўжалигида етиштириладиган асосий техник экинлардан бири ҳисобланади. Ҳозирги кунда яратилаётган ҳар бир нав, ўзининг ноёб белги ва хусусиятларига эга эканлиги билан ажралиб туради. Бу борада географик жиҳатдан бир-биридан узоқ турган шакл ва навлар дурагайларидан фойдаланиши муҳим аҳамиятга эга. Бундай дурагайлар авлодида ҳар хил имкониятга эга бўлган янги пластик генотиплар, морфобиологик ва хўжалик аҳамиятга эга, белгиларнинг ўзгарувчанлик кўлами кенг бўлган гетероген ва гетерозиготали (полиморф) биотиплар кўплаб бунёд этилади (Мусаев Д.А. 1979, Мирахмедов С.М. 1985, Қахҳоров 2002, 2006, Автономов, 2006). Тажрибамизда манба сифатида ғўзанинг Австралия селекциясига мансуб 75007-11, Болгария селекциясига мансуб 146 навлари, маҳаллий селекция маҳсули Л-6161 ва Л-260 [Л-2708(*G.hirsutum*) x 9872 (Католог № Л-3852 *G.barbadense*)] тизмалари ва уларнинг диаллел равишда дурагайлаб олинган дурагай уруғлик пахтаси хизмат қилди. Тажрибада ота она шаклларининг дурагайланиш қобилияти, дурагайларининг чигитининг тўқ ва пучлилиқ даражаси ўрганилди. Олинган маълумотларни таҳлилига кўра, энг кўп дурагай кўсақлар геграфик ва генотипик жиҳатдан узоқ шакллар бир бири билан чатиштирилганда, яъни хорижий 75007-11 ва 146 навлари, маҳаллий Л-6161 ва Л-260 тизмалари чатиштирилганда кузатилди. Хорижий 75007-11 ва 146 навлари дурагайланганда, уларнинг реципрок комбинацияларида чатишган кўсақлар миқдори 73.0 ва 69.0 % ни ташкил этди, маҳаллий тизмалар Л-6161 ва Л-260 узаро дурагайланганда эса чатишган кўсақлар миқдори унданда юқорирок эканлиги кузатилди ва бу тизмаларнинг тўғри комбинациясида Л-260 x Л-6161 74.0 %, тескари комбинациясида эса энг юқори 77.0 % ни ташкил этди. Ўртача кўрсаткич географик узоқ шакллар дурагайланганда 75007-11x Л-260, 146xЛ-260, 146xЛ-6161 ва Л-260x146 комбинацияларда мос равишда 54.0, 61.0, 64.0, 67.0 % ни, 80 % кузатилди. Энг паст дурагай кўсақлар олиниши кўрсаткичи асосан генотипик ва географик жиҳатдан узоқ шакллар ўзаро чатиштирилганда намоён бўлди ва Л-6161x146 комбинациясида унинг кўрсаткичи 38,0 % ни, Л-260 x 75007-11 комбинациясида 49,0 % ни ва 75007-11 нави ва Л-6161 тизмаси реципрок комбинациясида 47.0 ва 46.0 % ни ташкил этди. Олинган натижаларнинг таҳлили, хорижий 75007-11 ва 146 навлари ва 75007-11 нави ва Л-6161 тизмасининг реципрок дурагайларидан ташқари, қолган барча дурагай комбинацияларда, реципрок фарқ борлиги, яъни оналик самарадорлиги борлиги кузатилди. 146 нави ва Л-6161

тизмасининг тўғри комбинациясидан олинган дурагай кўсақлар миқдори 64.0 % ни ташкил этган бўлса, тескари комбинациясида 38.0 % га тенг бўлди, 75007-11 нави ва Л-260 тизмасининг тўғри комбинациясидан олинган дурагай кўсақлар миқдори 54.0 % ни ташкил этган бўлса, тескари комбинациясида 49.0 % га тенг бўлди. Шундай қилиб, маълумотларнинг таҳлили дурагай кўсақлар олишнинг энг юқори кўрсаткичи географик жиҳатдан ўзоқ шароитларда етиштирилган намуналар ва генотипик келиб чиқиши билан кескин фарқ қиладиган намуналар ўзаро дурагайланганда кузатилишини кўрсатди. Шунини таъкидлаш лозимки, кескин реципрок фарқ асосан ҳам генотипик, ҳам географик узок шакллар частиштирилганда кузатилди. Бизнингча буларнинг сабаби географик жиҳатдан узок намуналар генотипининг шакллантирадиган генлар тўпланининг турли иқлимнинг таъсири остида ҳар хил ҳолатда бўлганлигида, турли генотипли намуналарда эса айни генотипнинг бойитилганлигида экан.

Фойдаланилган адабиётлар:

1. Автономов В.А. Изменчивость, наследование признаков у географически отдалённых гибридов F1-F2 хлопчатника *G.hirsutum* L. // Состояние селекции и семеноводства хлопчатника и перспективы её развития: Мат. межд. науч. конф. – Ташкент, 2006, - С. 36-41.
2. Каххаров И.Т. и др. «Наследование и изменчивость некоторых количественных признаков у внутривидовых географически отдаленных гибридов». Межд. научно-практ. конф. Сб. «Теоретич. и практич. основы перспективы развития селекции и семеноводства». Мин. с/х. и водного хоз. Узб. научно-произ. центр с/х НИИ селекции и семен. хлопчатника. Ташкент, 2002, стр.47.
3. Каххаров И.Т. Показатели признака выхода волокна у географически отдаленных гибридных популяций F2 хлопчатника вида *G.hirsutum* L. Узбекский биологический журнал. 2006, №6, стр. 55-58.
4. Мирахмедов С.М. «Внутривидовая отдаленная гибридизация хлопчатника». ФАН, 1974, с170.
5. Мусаев Д.А. Генетическая коллекция хлопчатника.// Ташкент, Фан. 1979. – 112 с.

ИЗМЕНЧИВОСТЬ ПРИЗНАКА «ДЛИНА ВЕГЕТАЦИОННОГО ПЕРИОДА» У МЕЖСОРТОВОЙ ГИБРИДОВ F3.

Курбонов А.Ё., Автономов В.А., Эгамбердиев Ш.Ш., Муллахунов Б.Т.,
Раджапов Ф.С.

НИИ селекции, семеноводства и агротехнологии выращивания хлопка,
Узбекистан, Ташкентская обл., Кибрайский р-н, пос. Салар, ул. Университетская.
pahtauz@mail.ru

Хлопок давно известен человечеству и широко используется в мире во многих отраслях промышленности. В настоящее время, во всех странах, где возделывается хлопчатник, ведется целенаправленная научно-исследовательская работа по созданию новых скороспелых, продуктивных сортов с качественным выходом волокном.

Узбекистан является самым северным государством в мире, где возделывается хлопчатник, тем самым создание скороспелых сортов имеет особо важное значение для нашей страны.

Со скороспелостью сорта в решающей степени связаны величина урожая, качество хлопка-сырца и волокна. Значение скороспелости сорта сильно возрастает в неблагоприятные для хлопчатника годы с низкой суммой эффективных температур за период вегетации и ранними заморозками. В этих условиях у недостаточно скороспелых сортов до половины урожая могут составлять второй, третий и четвертый сорта с пониженной крепостью волокна.

Создание сортов, сочетающих высокую продуктивность со скороспелостью, одна из важнейших задач селекции хлопчатника.

В нашей работе такими формами стали сорта Наманган-34, Султон, Гулбахор-2, Андижон-35, Ан-16, С-4727.

Статистическая обработка данных проводилась по Б.П.Доспехову (1979).

Среди исходного материала, используемого нами в гибридизации в качестве материнских форм, наилучшая скороспелость отмечена у сорта Ан-16, у которых среднее значение равнялось 116.29. У гибридов третьего поколения, наилучшая скороспелость отмечена F3[Султон х Наманган-34], F3[Гулбахор-2 х Наманган-34], F3[Андижон-35 х Наманган-34], F3[Наманган-34 х Гулбахор-2], F3[Наманган-34 х Андижон-35], среднее значение находилось в пределах от 116.24 до 116.88.

При анализе величин стандартного отклонения наименьшие значения установлены у следующих гибридов: F3[Султон х Наманган-34], F3[Ан-16 х Наманган-34], F3[Ан-16 х Андижон-35], в пределах 3.4 до 3.53, что позволяет нам сделать вывод о малой изменчивости анализируемого признака, взятых для селекционной проработки в биологическом питомнике третьего поколения.

На основании анализа результатов исследований, по изменчивости признака «длина вегетационного периода» у исходных сортов и межсортовых гибридных комбинаций F3 следует сделать следующие выводы:

По средней величине признака «длина вегетационного периода» указывающей на высокое значение анализируемого признака, стали лучшими по средней величине признака «длина вегетационного периода» среди межсортовых гибридов F3 стали гибридные комбинации F3[Султон х Наманган-34], F3[Гулбахор-2 х Наманган-34], F3[Андижон-35 х Наманган-34], F3[Наманган-34 х Гулбахор-2], F3[Наманган-34 х Андижон-35], F3[Ан-16 х Султон], которые следует использовать в дальнейшем при создании новых скороспелых сортов хлопчатника.

Литература:

Автономов В.А., Ахмедов Д.Д. Межвидовая гибридизация (*G.hirsutum* L. х *G.barbadense* L.) в селекции хлопчатника на устойчивость к *Theilaviopsis basicola*. - Монография. Ташкент. 2011. 189 с.

Автономов В.А., Каюмов У. Межсортовая географически отдаленная гибридизация в селекции хлопчатника вида *G.hirsutum* L.- Монография, Ташкент, 2013. 138 с.

Автономов В.А., Курбонов А., Амантурдин Ш.Б. Сложная, межлинейная гибридизация в селекции хлопчатника вида *G.hirsutum* L. Монография, Ташкент, 2014. 222 с.

ИЗМЕНЧИВОСТЬ ПРИЗНАКА «ВСЕГО СИМПОДИАЛЬНЫХ ВЕТВЕЙ» У ГИБРИДОВ F5 ХЛОПЧАТНИКА ВИДА *G.HIRSUTUM L.*

Курбонов А.Ё., Автономов В.А., Эгамбердиев Ш.Ш., Муллахунов Б.Т.,
Ф.С.Раджапов

НИИ селекции, семеноводства и агротехнологии выращивания хлопка,
Узбекистан, Ташкентская обл., Кибрайский р-н, ул. Университетская,
paxtauz@mail.ru

Создание конкурентоспособных сортов хлопчатника обладающих комплексом хозяйственно-ценных признаков основная задача селекции. Создание новых сортов хлопчатника предполагает развитие теории селекции, разработку более эффективных генетически обоснованных методов создания и оценки селекционного материала. При этом роль генетики в развитии теоретических и методических основ селекции, в том числе использование парных гибридов хлопчатника, а также разработка более эффективных генетически обоснованных методов оценки созданного селекционного материала не вызывает сомнения.

Одной из наиболее трудно решаемой задачей и узким местом в селекции хлопчатника, является создание сортов, сочетающих высокое качество и количество волокна, с продуктивностью хлопка-сырца и скороспелостью характеризующейся высокими темпами отдачи урожая хлопка-сырца.

Одним из косвенных признаков, определяющих такой признак, как “продуктивность хлопка-сырца одного растения” является признак “число плодовых ветвей (симподий) на одном растении”.

Исходным материалом для гибридизации служили сорта хлопчатника нашей селекции С-6524, С-6541, С-6545, Наманган-34. Наманган-77 и СБ-6.

На основании фактических данных составлялись вариационные ряды по изучаемому признаку. Вычисление статистических показателей проводили по методике Б.А.Доспехова (1979).

Как видно из результатов исследований средние значения определяющие величину признака «всего симподиальных ветвей на растении» в вариационных рядах, как правило размещались в пределах от 7 до 16 ветвей, что наибольшей средней величиной признака обладал сорт-indicator С-6524, $M=12.1$, а наименьшая отмечена у сорта-indicator С-4727, у которого среднее значение признака находится на уровне 11,9 ветвей. При этом особый интерес вызывали семьи пятого поколения у таких гибридов, как : Наманган-77 x С-6545, СБ-6 x С-6541, С-6545 x СБ-6, у которых среднее значение анализируемого признака укладывалось в пределы от 12,3 до 13,4 ветви.

При анализе величин стандартного отклонения (δ) наименьшие значения установлены у следующих гибридов F5: Наманган-34 x С-6545, СБ-6 x С-6545, у которых они укладываются в пределы от 0,71 до 0,76, что позволяет сделать вывод о малой изменчивости анализируемого признака семей этих гибридов, взятых для селекционной проработки в биологическом питомнике пятого поколения.

На основании проведенного анализа результатов исследования следует сделать следующие выводы: лучшими по средней величине признака стали сорта хлопчатника отечественной селекции С-6524 и Наманган-77; наибольший интерес с селекционной точки зрения представляют гибридные комбинации пятого поколения

F5: Наманган-77 х С-6545, СБ-6 х С-6541, С-6545 х СБ-6, у которых средняя величина признака соответственно равнялась 13.1, 12.3 и 13.4 ветви

Использованная литература

Ибрагимов П.Ш. Генетические методы в селекции хлопчатника. -Ташкент. 2006. - 104 с.

Зейналов З.И. Массовое получение гетерозисных гибридов хлопчатника. «Состояние селекции и семеноводства хлопчатника и перспективы развития» //Материалы международной научно-практической конференции –Ташкент. 2006.- С.80-82.

Доспехов Б.А.Методика полевого опыта. 1980., М., Колос.

**ЎЗБЕКИСТОН ШАРОИТИДА СИММУТ КОЛЛЕКЦИЯСИДАН
КЕЛТИРИЛГАН БУҒДОЙ НАМУНАЛАРИНИНГ ЗАНГ АСАЛЛИКЛАРИГА
ВА ЁТИБ ҚОЛИШГА ЧИДАМЛИЛИГИНИ БАҲОЛАШ**

Мелиев С.К.

ЎзР ФА Генетика ва ўсимликлар экспериментал биологияси институти.

Ўзбекистон, Тошкент вилояти Қибрай тумани Юқори-Юз маҳалласи

meliev.sodir@mail.ru

Республикамизда буғдой селекцияси билан шуғулланувчи илмий тадқиқот институтлари бир неча йиллардан бери СИММУТ ташкилоти билан ҳамкорлик қилиб келмоқда ва бу ташкилот коллекциясидан олинган элита навлар кўчатзори, юқори температурага, чидамли навлари, қурғоқчиликка чидамли ва буғдойнинг уч хил занг касалликларига чидамли навлар кўчатзорларидан олинган намуналар республика шароитида экиб ўрганилиб, селекция жараёнига тадбиқ этиб келинмоқда. Ҳозирги кунда занг касалликлари зарари, қўзғатувчиларнинг генетикаси ва уларга қарши чидамли навлар яратиш соҳасидаги тадқиқотлар мамлакатимизда ЎзР ФА Генетика ва Ўсимликлар экспериментал биологияси институтида (Бабоев С.К., Тўрақулов Х.С. ва б), Ўзбекистон Ўсимликшунослик ИТИда ҳамда Тошкент давлат Аграр Университетида ўтказилмоқда. Бизнинг тажрибаларимиз ҳам сариқ занг касаллигига чидамлилигини баҳолаш мақсадида тажрибалар олиб борилди.

Тажрибалар ЎзР Фанлар академиясининг Генетика ва Ўсимликлар экспериментал биологияси институти “Дўрмон” тажриба базасида олиб борилди. СИММУТ халқаро ташкилоти генафондининг 46thIBWSN (Халқаро юмшоқ буғдой танлаш кўчатзори) дан олинган ва бошқа намуналарга нисбатан юқори ҳосилли бўлган 20 та намуна институтнинг сариқ занг сунъий инфекция фонидида 1м² майдонларда экилиб, занг касаллигига чидамлилиги ўрганилди. Инокулум сифатида замбуруғ споралари ва талка кукуни аралашмаси (1:300 нисбатда) ёки спораларнинг хлорсиз сувдаги суспензияси ишлатилди, бунда 1 литр суспензияга 1 томчи Tvín-20 кўшилди (Бабоев С.К., Тўрақулов Х.С. ва б). Сариқ занг касаллигига намуналар чидамлилигини баҳолаш “Халқаро сариқ занг кўчатзорида нав ва намуналарни баҳолаш” усулига мос равишда ўтказилди ва бунда намуналар инокуляция қилингандан кейин 14 кун ўтгач, ҳар 3 кунда уларнинг касалланиш типлари қуйидаги шкалага биноан аниқланиб борилди: 0 (zero) – immun; R (resistant) – чидамли; MR (moderate resistant) – ўртача чидамли; MS (moderate susceptible) – ўртача

чидамсиз; S (suseptible) – чидамсиз Занг касаллигига чидамлилик McNeal услубида баҳоланди.

Танлаб олинган намуналарнинг 8 таси иммун ҳолда бўлиб, занг касаллиги белгилари кузатилмаган бўлса, 7 та намунада 10-15 фоизгача касалланиш юзага келган, лекин бу барглардага касаллик белгилари атрофида некроз тез ҳосил бўлиб, касаллик ривожланишда тўхтаган. Учта намуна 20 фоизда 30 фоизгача касалланган бўлишига қарамай кейинчалик некроз ҳосил бўлган бу намуналар ўртача чидамли MR деб баҳоланган. Бундан ташқари яна 2 та намуна MS, яъни ўртача чидамсиз бўлишига қарамай баҳорги совуққа кучли бардошлиликни намаён этганини ҳисобга олиб, бу намуналарни ҳам назорат кўчатзоридида синаб кўриш учун танлаб олинди.

Замоновий буғдой селекциясида яратилаётган ва амалиётга кенг тадбиқ этилаётган буғдой навлари асосан интенсив типдаги навлар бўлиб, улар паст бўйли ва ётиб қолишга чидамлидир. Тажрибаларимизда ётиб қолишга чидамлилик 9 баллик шкала бўйича баҳоланди. Биз танлаб олган намуналар ўрта бўйли бўлиб, ўсимлик бўйи (85-95) см. ни ташкил этган ва асосан ётиб қолишга юқори чидамли. Буғдой селекцияси учун янги бирламчи манбаларни танлашда занг касалликлари бўйича сунъий яратилган инфекция фонларда танлаш, занг касалликларига чидамли бўлган ва Ўзбекистон шароитига мослаша оладиган намуналар танлаб олинди ва селекция жараёнида донор сифатида фойдаланиш учун таклиф этилди.

СИММУТ КОЛЛЕКЦИЯСИДАН КЕЛТИРИЛГАН ЮМШОҚ БУҒДОЙ НАМУНАЛАРИНИНГ ҲОСИЛДОРЛИК КЎРСАТКИЧЛАРИНИ ЎРГАНИШ ВА СЕЛЕКЦИЯ ИШИДА ДОНОР СИФАТИДА ФОЙДАЛАНИШ.

Мелиев С.К. Бузруков С.С.

ЎзР ФА Генетика ва ўсимликлар экспериментал биологияси институти.

Ўзбекистон, Тошкент вилояти Қибрай тумани Юқори-Юз маҳалласи

meliev.sodir@mail.ru

Буғдой дунёда энг кўп экиладиган қишлоқ хўжалик экинларидан бўлиб, инсон эҳтиёжи учун зарур бўлган калориянинг 20% ини таъминлаб беради. Ўзбекистонда буғдой селекцияси олимларининг олдидида турган вазифалардан бири-навларнинг ҳосилдорлигини ва доннинг нон бўлиш сифатини оширишдан иборат. Бу вазифани ҳал этишда жаҳон буғдой коллекцияси намуналаридан фойдаланиш ҳам мақсадга мувофиқ ҳисобланади.

Тажрибалар инситутнинг тажриба базасида олиб борилди. СИММУТ ҳалқаро ташкилоти генафондининг 46thIBWSN (Ҳалқаро юмшоқ буғдой танлаш кўчатзори) дан олинган 200 намуналарнинг қимматли хўжалик белгилари ўрганилди ва энг яхшилари яъни 20та намуна танлаб олиниб ҳосилдорлик элементларини тўлиқ ўрганиш учун уларнинг ҳар бири 10м² ли майдончаларга тўрт қайтариликда рендомизация усулида экилди. Олинган натижалар Кен Саера формуласи асосида таҳлил қилинди.

Танлаб олинган намуналарда ҳосилдорлик индекси 0,31 дан 0,44 гача бўлиб, ўртача 0,37 га тенг. Бу албатта яхши кўрсаткич, яъни умумий биомассанинг 37 фоизини дон ташкил қилади. Икинчи кўрсаткич бу майдон ҳисобига дон ҳосилдорлиги бўлиб, 1м² даги дон оғирлиги 431 грдан 615 гр гачани ташкил этган. Бу тўрт қайтариликдаги ўртача ҳосилдорлик бўлиб, ишлаб чиқаришдаги

ҳосилдорликка нисбатан кам бўлиши мумкин, бунга сабаб кичик майдонларда тажриба учун экилганда биринчи навбатда қўлда экилади ва йиғиш вақтида кўп йўқотилади.

Шунга қарамай 7та намунада ҳосилдорлик гектар ҳисобига олганда 50 центнердан кўп ҳосил берган, 1079 намунасида бу кўрсаткич 61 центнерни ташкил этган. Бу ерда шуни таъкидлаб ўтиш керакки, ушбу кўрсаткичларнинг статистик тахлили СИММУТ халқаро ташкилотининг етакчи мутахассисларидан бири Кен Саера томонидан ишлаб чиқилган мураккаб формулалар асосида ҳисобланган бўлиб, ҳосилдорлик элементлари катта майдон ҳисобига реал кўрсаткичларни беради.

Ҳосилдорлик элементларидан яна бири биомасса бўлиб, бу кўрсаткич ҳосил индекси билан тескари боғланган бўлиб, ҳосил индекси қанча юқори бўлса биомасса шунча паст бўлади. Биз таҳлил қилган намуналарда асосан дон ҳосили юқори бўлган намуналарда биомасса ҳам юқори бўлган. Фақат бир намунада дон ҳосили ҳосил индекси ҳисобига юқори бўлганлиги кузатилди.

Ишлаб чиқаришда буғдой ҳосилдорлигини башорат қилишда 1м² даги бошоқ сони, бир бошоқдаги дон сони ва вазнидан кўпроқ фойдаланилади. Биз танлаб олган намуналарда бу кўрсаткич ўртача 381,5 ни ташкил қилиб, 10 та намунада ўртачадан юқори, дон ҳосилдорлиги бўйича энг юқори кўрсаткичга эга бўлган намунада 1м² даги бошоқ сони ўртача 548 тани ташкил этган, яъни ҳосилдорлик асосан уруғнинг тўла униб чиқиши ва пушталаш ҳисобига бошоқ сонининг кўп бўлиши эвазига ортган. Барча намуналар бир хил меёрда экилганлигини ҳисобга олсак бу намунада бошоқ сонининг кўп бўлиши унинг генотипига боғлиқ бўлганлигини кўришимиз мумкин.

Олиб борилган тажрибаларимизда ўрганилган намуналар 1000 дон дон вазни бўйича бир биридан фарқ қилган, яъни 34,6 грамдан 47,6 грамгача бўлган бўлса, ўртача кўрсаткич 41,2 грамни ташкил этди. Намуналар бўйича ўртача кўрсаткичнинг паст бўлиши асосан занг касаллигига чидамли бўлган 2 та намуналари ҳисобига бўлиб, уларда 1000 дон дон вазни мос равишда 34,8 ва 34,6 грам, дон ҳосилдорлиги ҳам ўртача кўрсаткичдан анча паст, бўлиб асосан бир бошоқдаги дон сони ҳисобига ҳосилдорлик таъминланган.

Шундай қилиб, буғдой селекцияси учун янги бирламчи манбаларни танлашда ҳосилдорлик элементларини статистик таҳлил қилиш натижасида ҳосилдор бўлган ва Ўзбекистон шароитига мослаша оладиган намуналар танлаб олинди ва селекция жараёнида қўллаш учун таклиф этилди.

ГЕНОТИПИЧЕСКАЯ РЕАКЦИЯ ПО ОВОДНЕННОСТИ И ИНТЕНСИВНОСТИ ТРАНСПИРАЦИИ ЛИСТЬЕВ СОРТОВ ХЛОПЧАТНИКА К НЕДОСТАТОЧНОМУ ВОДОСНАБЖЕНИЮ ПРИ ПРЕДПОСЕВНОЙ ХИМИЧЕСКОЙ И ФИЗИЧЕСКОЙ ОБРАБОТКЕ СЕМЯН.

Набиев С.М.¹, Усманов Р.М.¹ Аширалиева С.М.²

¹Институт генетики и экспериментальной биологии растений АН РУз

Ташкентская область Кибрайский район, пос Юкори-Ю

igebr_anruz@genetika.uz,

²Гуслистанский Государственный Университет

При решении проблемы разработки водосберегающих агротехнологий, наряду с другими направлениями, важное значение имеет и поиск путей повышения засухоустойчивости хлопчатника предпосевной обработкой семян физическими и химическими факторами, изучение их влияния на биологические показатели, в том числе на физиологические параметры водного баланса растений.

Семена сортов хлопчатника – Навбахор-2, Ишонч и Ташкент-6 перед посевом были обработаны электромагнитным полем низкой частоты (ЭМПНЧ) и красным светом (КС), а также химическим веществом – глицирризиновой кислотой, а семена сорта Гульбахор-2 - с ЭМПНЧ и глицирризиновой кислотой. Контролем служили необработанные семена этих сортов. Полевые опыты проведены на опытном поле Зангиатинской экспериментальной базы ИГиЭБР АН РУз. Семена сортов были посеяны в условиях оптимальной водообеспеченности, при схеме полива 1:2:1 и в условиях недостаточной водообеспеченности, при схеме полива 1:1:0. Глубина грунтовых вод 8,0 и более метров. На обоих фонах исследований материал был высеян в 3-х кратных рендомизированных повторениях, на двух рядах в каждом повторении и по 25 растений в каждом ряду, по схеме посева 90х20х1.

Во всех изученных вариантах оводненность листьев у опытных и контрольных растений при недостатке почвенной влаги снижалась по сравнению с оптимальным водоснабжением. При этом в обоих условиях водоснабжения предпосевная обработка семян вышеуказанными факторами не привела к достоверному изменению оводненности листьев растений по сравнению с контролем. На оптимальном фоне водоснабжения контрольные варианты сортов Навбахор-2 и Ташкент-6 имели существенное различие между собой по показателю признака (соответственно 71,3% и 74,3% при НСР₀₅ = 1,1%.)

Во всех вариантах интенсивность транспирации листьев у опытных и контрольных растений при водном дефиците в разной степени снижалась по сравнению с оптимальным водоснабжением. В условиях оптимального водоснабжения, по сравнению с контролем, предпосевная обработка семян ЭМПНЧ привела к увеличению транспирации листьев у сорта Навбахор-2 (на 11,2%), а у сорта Ташкент-6, наоборот, к ее уменьшению на 22,4%. У сорта Ишонч разница была незначительной. В условиях ограниченного водоснабжения достоверной разницы между этими вариантами также не было выявлено.

В условиях оптимального фона водного режима предпосевная обработка семян красным светом привело к уменьшению интенсивности транспирации у сорта Ташкент-6 на 28,2% по сравнению с контролем, а у сортов Навбахор-2 и Ишонч достоверной разницы между вариантами не было. В условиях водного стресса ни у

одного сорта не были выявлено достоверной разницы между контролем и вариантом с обработанными семенами.

В условиях оптимального водоснабжения по сравнению с контролем предпосевная обработка семян глицирризиновой кислотой привела к увеличению интенсивности транспирации у сорта Навбахор-2 (на 16,4%), тогда как у других сортов разница была несущественной. В условиях водного стресса у всех сортов разница между этими вариантами также была несущественной.

Таким образом, полученные данные показывают на разносторонний характер влияния физических и химических факторов на параметры водообмена растений у сортов хлопчатника в условиях оптимального и недостаточного водоснабжения.

НАСЛЕДОВАНИЕ ПРИЗНАКА «ПРОДУКТИВНОСТЬ РАСТЕНИЙ» У МЕЖВИДОВЫХ РАСТЕНИЙ F1 ХЛОПЧАТНИКА В РАЗНЫХ УСЛОВИЯХ ВОДОСНАБЖЕНИЯ.

Набиев С.М., Нуров Б.Х., Хамдуллаев Ш.А.

Институт Генетики и экспериментальной биологии растений АН РУз,
Ташкентская область Кибрайский район, пос Юкори-Юз
m.saydigani@mail.ru

Объектом исследований служили сорта вида *G. barbadense* L.- Ашхабад-25, Карши-2, С-6037, интродуцированные средневолокнистые образцы вида *G. hirsutum* L. с рассеченными листьями : Окра-1(А-3009, Западная Африка), Окра-2 (0798, Китай), Окра-3 (Leaf asala, Индия), Окра-4 (La okra leaf asala, Эфиопия) и Окра-5 (G-203-5, Австралия), реципрокные гибриды F1 тонковолокнистых сортов с этими образцами хлопчатника.

Сорта и растения F1 высевали в полевом опыте в трех рендомизированных повторениях по 30-40 растений в каждом варианте и каждом повторении. Схема посева 60x25x1. Опыт закладывали на разных фонах поливного режима: Оптимальный фон водоснабжения (контроль) получал 5 поливов по схеме 1:3:1 при оросительной норме около 5 тыс. м³ воды, ограниченный фон водоснабжения получал 3 полива по схеме 1:2:0 при оросительной норме около 3.2 тыс. м³ воды при пересчете на гектар. Объем поливной воды, которая подавалась через водопроводную трубу, измеряли аппаратом УВК-20. Прочие условия агротехники были выровнены.

В условиях оптимального водоснабжения вес хлопка-сырца одного растения у сорта Ашхабад-25 составил 47,0 г., у Карши-2 и С-6037 соответственно 44,8 г. и 44,5 г., что указывает на отсутствие статистически достоверных различий между этими тонковолокнистыми сортами хлопчатника при НСР₀₅=4,4г. У окрالیстных средневолокнистых форм наиболее высокое значение продуктивности отмечено у сортообразца Окра-5-70,1 г., менее урожайным был Окра-1 -42,6 г. У сортообразцов Окра-2, Окра-3 и Окра-4 продуктивность растений соответственно составила 55,4 г.; 53,2 г. и 58,3 г. В комбинациях F1 наиболее высокая продуктивность отмечена у реципрокных гибридов сорта Ашхабад-25 с Окра-4(102,8 и 107,9 г.) и с Окра-5 (101,9 г. и 106,0 г.), сорта Карши-2 с Окра-3(101,2г. и 112,5 г.) и с Окра -5 (129,3г. и 141,1 г.), сорта С-6037 с Окра- 5 (105.1г. и 108,0 г.).

При оптимальном водном режиме признак «продуктивность растений» из 30 комбинаций F1 наследовался у 27-ми-по типу положительного сверхдоминирования, у 1 комбинации- по типу отрицательного сверхдоминирования и у 2-х комбинаций- по типу неполного доминирования лучшего родителя.

Возделывание растений в условиях дефицита влаги снизило продуктивность всех исходных и гибридных генотипов. При этом показатели признака у тонковолокнистых сортов Ашхабад-25, Карши-2 С-6037, окралистных средневолокнистых образцов Окра-1, Окра-2, Окра-3, Окра-4 и Окра-5 соответственно составили 28,1г.,32,8г.,27,4г.,22,8г.,38,8г.,33,9 г.,41,2г. и 53,9 г. хлопка-сырца на растение при НСР05 =5,1 г. Высокой продуктивностью отличались реципрокные гибридные комбинации тонковолокнистых сортов с Окра-5, а также некоторые комбинации с Окра-4, у которых значение признака составило 63,4-122,1 г. хлопка-сырца на растение. Наиболее устойчивыми к дефициту влаги оказались Окра-5 и Карши-2. Сильное снижение продуктивности отмечено у Окра-1 и Окра-3, происходящих из влажных тропических зон, а также у сорта Ашхабад-25. Гибриды тонковолокнистых сортов с Окра-5, а также ряд комбинаций сорта Карши-2 с окралистными образцами проявили высокую устойчивость к засухе.

При ограниченном водном режиме признак «продуктивность растений» из 30 комбинаций F1 у 23-х наследовался по типу положительного сверхдоминирования, у 1 комбинации- по типу отрицательного сверхдоминирования, у 1 комбинации- по типу полного доминирования худшего родителя, у 3-х комбинаций- по типу неполного доминирования лучшего родителя и у 1-комбинации- по типу неполного доминирования худшего родителя, т.е. в разных условиях водоснабжения данный признак у хлопчатника наследуется, в основном, по типу сверхдоминирования.

ХАРАКТЕРИСТИКА КОЛЛЕКЦИОННЫХ ОБРАЗЦОВ КУЛЬТИВИРУЕМЫХ ДИПЛОИДНЫХ ВИДОВ ХЛОПЧАТНИКА

Ризаева С.М., Эрназарова Д.К., Абдуллаев Ф.Х., Муминов Х.А., Арсланов Д.М.

Институт генетики и экспериментальной биологии растений АН РУз

Ташкентская область Кибрайский район, пос Юкори-Юз

f_abdullaev@yahoo.com

Изучение, оценка морфо-биологических и хозяйственных ценных признаков представителей диплоидных видов рода *Gossypium* L., выявление среди них ценных образцов, совмещающих полезные коммерческие признаки и адаптационный потенциал устойчивости к сельскохозяйственным болезням, а также к экстремальным факторам внешней среде (засуха, холод, засоление почв и др.), внедрение их в селекционный процесс, позволит решить целый ряд актуальных задач хлопководства республики. Наличие богатейшей коллекции генофонда хлопчатника ИГиЭБР АН РУз- одна из уникальнейшая по разнообразию генофонда хлопчатника, где сохраняются в жизнеспособном состоянии образцы из различных агроэкосистем мира, а значит огромное биоразнообразие видов и форм с широким полиморфизмом признаков и свойств рода *Gossypium* L., обеспечивает успех прикладных исследований, получение перспективных линий, сортов.

В результате экологических испытаний дана оценка морфологическим и биологическим признакам сортового разнообразия культивируемых диплоидных видов хлопчатника из различных эколого-географических групп и выявлены наиболее ценные в качестве доноров полезных признаков для использования в генетико-селекционных проектах. Ниже приводится краткая характеристика изученного набора образцов афро-азиатского и индокитайского видов хлопчатника из различных эколого-географических групп.

Среднеазиатская группа. Изучены образцы афро-азиатского хлопчатника была происхождением из Узбекистана и Таджикистана. У образцов из Узбекистана выявлена высокая амплитуда изменчивости по ряду признаков. Наблюдается высокая амплитуда изменчивости по высоте главного стебля (53,0-87,0 см) и наибольшая изменчивость по высоте закладки первой плодовой ветви (5-8 узлов), общему количеству узлов (20-27 шт.) и длине вегетационного периода (108-112 дней). Также наблюдается большая изменчивость по массе сырца одной коробочки (1,2-4,7 г), массе 1000 семян (73,0-103,0 г), выходу волокна (18,0-26,3%), длине волокна (25,0-30,0 мм). Выявлены образцы с коротким вегетационным периодом 108-109 дней (А-442, А-4105), с массой одной коробочки более 3,0 г (А-739); с высокой длиной волокна 30,0 мм (А-442), высоким выходом волокна 32,6% (образец из Таджикистана). Образцы индокитайского хлопчатника была представлена образцами из Узбекистана. Установлена высокая амплитуда изменчивости по высоте главного стебля (60,0-92,0 см), высоте закладки первой плодовой ветви (5-6 узлов), общему количеству узлов (20-22 шт.), по длине вегетационного периода (103-106 дн.), массе хлопка-сырца одной коробочки (2,0-5,0 г), массе 1000 семян (72,0-97,0 г). Небольшая амплитуда изменчивости отмечена по выходу волокна (29,0-31,0%) и длине волокна (25,0-30,0 мм). Выделены скороспелые образцы с вегетационным периодом 103-106 дней (А-139, А-355), массой одной коробочки 5,0 г (А-139), высоким выходом волокна 31,4% (А-139).

Азиатская группа. Сортовое разнообразие вида *G. herbaceum* L. была представлена из Монголии, Турции, Ирана, Афганистана, Пакистана, Китая и Ирака. Данная группа показала высокую амплитуду изменчивости по вегетационному периоду (98-121 дн.). Образец из Пакистана (А-3184) характеризуется ультраскороспелостью (102 дн.). Наиболее высокие показатели отмечены у образцов из Турция и Афганистана по массе сырца одной коробочки (2,5-2,9 г), массе 1000 семян (82,0-87,0 г), выходу волокна (27,0-31,0%), длине волокна (24,0-26,0 мм). Образцы вида *G. arboreum* L. представлена из Индии, Индонезии, Афганистана, Пакистана, Китая, Кореи, Японии. Длина вегетационного периода, образцов у этой экологической группы показала высокую амплитуду изменчивости (101-121 дн.). Выделены скороспелые образцы из Индии и Японии, длина вегетационного периода у которых была в пределах 101-106 дней. Наиболее высокие показатели получены по выходу волокна (22,0-33,0%) и длине волокна (23,0-28,0 мм). Нужно отметить, что образцы этой группы характеризуются с низкими показателями массы хлопка-сырца одной коробочки (1,0-2,4 г).

Африканская группа. Изучены образцы афро-азиатского хлопчатника с происхождением из Сирии и Африки. У образцов этой группы показатели изучаемых признаков несколько различны. Образец из Африки характеризуется скороспелостью (106 дн.), а образец из Сирии отличается позднеспелостью (113 дн.). Высокие показатели получены по массе сырца одной коробочки (3,0 г), массе 1000 семян (90,0 г), выходу волокна (25,0%), длине волокна (25,0 мм). Изучены образцы

индокитайского вида хлопчатника из Вест-Индии. У образцов этой группы отмечена широкая изменчивость по длине вегетационного периода (101-112 дн.). Установлена невысокая амплитуда изменчивости по массе хлопка-сырца (1,2-2,0 г), массе 1000 семян (63,0-80,0 г), выходу волокна (30,0-31,0%), длине волокна (22,0-27,0 мм). Выявлен образец с высокой длиной волокна 45,2 мм (А-3190).

Изучение сортового разнообразия культивируемых диплоидных видов хлопчатника позволило выделить целый ряд перспективных образцов для практического использования в селекции: *G. herbaceum* L.: скороспелые (102-110 дн.)- А-442, А-4105, А-320, А-184, А-249, А-175, А-194, А-309, А-3184, А-253, А-4267, А-1687, А-4407; с длинным волокном (26,0-29,0 мм)- А-253, А-313, А-442, А-739; с высоким выходом волокна (< 30,0%): А-320; А-249; с высокой массой хлопка-сырца (< 3,0 г): А-739; А-244, А-274. *G. arboreum* L.: скороспелые (101-110 дн.)- А-139, А-355, А-2781, А-2782, А-2802, А-3193, А-357, А-360, А-365, А-196, А-347, А-367, А-1494, А-350, А-3194, А-149, А-343, А-354, А-3190; с длинным волокном (26,0-29,0 мм)- А-149, А-343, А-196, А-350, А-3190, А-3193, А-1494; с высоким выходом волокна (< 30,0%)- А-139, А-365, А-826, А-2781, А-2802, А-3193, А-3194, А-3190; с высокой массой хлопка-сырца (< 3,0 г)- А-139.

ВЫЯВЛЕНИЕ ХРОМОСОМНЫХ ИЗМЕНЕНИЙ В КАРИОТИПЕ ДЕТЕЙ С СИНДРОМОМ ДЕФИЦИТА ВНИМАНИЯ И ГИПЕРАКТИВНОСТИ

¹Саидходжаева С.Н., ²Каримов Х.Я., ¹Маджидова Е.Н., ²Бобоев К.Т.

1- МИНЗДРАВ РУз Ташкентский педиатрический медицинский институт,
100140 г. Ташкент Юнусабадский район ул. Богишамол, 223,
mail@tashpmi.uz

2- МИНЗДРАВ, НИИ Гематологии и Переливания Крови.
Ташкент, Чиланзарский район, ул. Бунёдкор д. 42-а.,
info.niigem@minzdrav.uz

Цитогенетическим проявлением хромосомных реаранжировок, приводящих к изменению экспрессии вовлеченных генов NLGN4Y, SRY, PCDH11Y, является увеличение генетического материала Y-хромосомы. Основными фенотипическими проявлениями наличия в геноме дополнительного материала Y-хромосомы являются невнимательность, гиперактивность, импульсивность и т.д. Однако, исследования связи размеров Y-хромосомы с развитием синдрома дефицита внимания и гиперактивности (СДВГ) у детей до настоящего времени не проводились.

Цель работы. Анализ ассоциации СДВГ с вариабельностью размера Y-хромосомы и с другими возможными цитогенетически детектируемыми изменениями.

Материалы и методы. Обследовано 62 ребенка в возрасте 7 – 12 лет с СДВГ (47 мальчика и 15 девочки). Контрольную группу составили 45 условно здоровых детей - без СДВГ (21 мальчика и 24 девочки). Девочки были включены в исследование для оценки возможной вовлеченности в цитогенетические варианты при СДВГ не только Y-хромосомы, но и других хромосом (аутосом). Карiotипирование метафаз проводилось с помощью микроскопа Axio Scope A1 («Carl Zeiss», Германия) с программным обеспечением ikaros («Metasystems»).

Результаты. Реаранжировка обследуемых на основании гендерного признака показала, что количество детей с кариотипом 46,XY, у которых был установлен СДВГ, было в 1,6 раза достоверно больше ($p < 0,05$), чем детей без синдрома, тогда как количество детей с кариотипом 46,XX с признаками СДВГ и без таковых статистически достоверно не различалось ($p > 0,05$). Данный факт дает цитогенетическое основание для подтверждения факта того, что индивидуумы, носящие в кариотипе Y-хромосому, т.е. мальчики, более подвержены развитию СДВГ.

У детей с СДВГ мы не обнаружили кариотипы со сверхчисленными Y-хромосомами. Однако у 19 из 47 (40,4%) обследованных мальчиков с СДВГ было выявлено увеличение размера Y-хромосомы, т.е., размеры превышали норму, установленную на основании сравнения с хромосомами группы G и хромосомой 18. Изменение размеров затрагивало в основном длинное (q) плечо. Известно, что основной массив гетерохроматина (Gh) в Y-хромосоме, за исключением небольших участков в прицентромержной области (p11.1–q11.1), расположен именно в q-плече (локус q12). Только в одном случае (2,1%) нами было отмечено увеличение короткого (p) плеча. Это изменение могло произойти как за счет амплификации региона гетерохроматина в p-плече Y-хромосомы (локус p11.1), так и за счет встраивания фрагмента другой хромосомы. Увеличенная Y-хромосома была выявлена и в кариотипе одного мальчика из группы контроля. Доля такого цитогенетического проявления в основной группе мальчиков была в 33.9 раза больше по сравнению с условно-здоровыми детьми ($\chi^2 = 22.3$; $P < 0.05$; $OR = 33.9$; 95% CI 4.31–267.1), что подтверждало неслучайность выявления цитогенетического варианта и наличие его связи с развитием СДВГ. Цитогенетических изменений, связанных с количественными перестройками, а также со структурными изменениями аутосом и X-хромосомы нами не выявлено.

Вывод: Полученные данные подтверждают мультифакториальный генез СДВГ. Увеличение длины Y-хромосомы, особенно дистальный локус Yq12, достоверно ассоциировано с развитием СДВГ, что позволяет рассматривать данный цитогенетический вариант как дополнительный маркер раннего выявления риска развития патологии у детей.

ЦИТОГЕНЕТИЧЕСКАЯ ИДЕНТИФИКАЦИЯ НЕХВАТОК ОТДЕЛЬНЫХ ХРОМОСОМ ХЛОПЧАТНИКА С ПОМОЩЬЮ ТРАНСЛОКАЦИОННОГО ТЕСТА

Санамьян М.Ф., Бобохужаев Ш.У.

Национальный университет Узбекистана,
Ташкент, Вузгородок, Биологический факультет,
anam_marina@rambler.ru

Использование транслокационного теста в мейозе позволило выявить гомологичность моносом с хромосомами в обменах от транслокационных линий тестерного набора (США) у 14 моносомных линий хлопчатника Цитогенетической коллекции НУУз, поскольку были обнаружены тривалентные ассоциации хромосом в 17 вариантах скрещиваний (Mo4 x TT13R-19R; Mo7 x 4L-19R; Mo11 x TT2L-3Lb; Mo16 x TT2R-14R; Mo19 x TT2L-6R и Mo19 x TT2R-8Rb; Mo27 x TT1L-7L; Mo27 x

TT7L-12R; Mo27 x TT7R-21R; Mo31 x TT4R-15L; Mo62 x TT8R-19R; Mo67 x TT6L-7L; Mo69 x TT4L-19R; Mo70 x TT4R-15L; Mo71 x TT4R-15L; Mo72 x TT4R-15L; Mo89 x TT4R-19R). Так, с участием моносомной линии Mo19 в двух вариантах скрещиваний с транслокационными линиями TT2L-6R и TT2R-8Rb у моносомных гибридов была обнаружена конъюгация в виде 24 бивалентов и одного тривалента, что указало на гомологичность моносомы и одной из хромосом в обменах у моносомной линии Mo19. Так как в обе транслокационные линии была вовлечена одна общая хромосома 2, было подтверждено, что унивалентная хромосома у линии Mo19 является хромосомой 2 At –субгенома хлопчатника. В трех вариантах скрещиваний моносомной линии Mo27 - Mo27 x TT1L-7L, Mo27 x TT7L-12R и TT7R-21R также была обнаружена конъюгация в виде 24 бивалентов и одного тривалента, что указало на гомологичность моносомы и одной из хромосом в обменах у моносомной линии Mo27. Так как во все три транслокационные линии была вовлечена одна общая хромосома 7, было подтверждено, что унивалентная хромосома у линии Mo27 является хромосомой 7 At –субгенома хлопчатника.

С участием 9 моносомных линий тривалентные ассоциации были обнаружены только в одиночных вариантах скрещиваний (Mo7 x 4L-19R; Mo11 x TT2L-3Lb; Mo16 x TT2R-14R; Mo67 x TT6L-7L; Mo69 x TT4L-19R; Mo70 x TT4R-15L; Mo71 x TT4R-15L; Mo72 x TT4R-15L; Mo89 x TT4R-19R). Поскольку некоторые микросателлитные маркеры ранее были локализованы Макамовым А.Х. на этих моносомных линиях, а они в свою очередь были приписаны к соответствующим хромосомам, можно считать, что моносомные линии Mo11 и Mo16 имеют нехватки по хромосоме 2 At –субгенома; Mo7, Mo69, Mo70, Mo71, Mo72 и Mo89 имеют нехватки по хромосоме 4 At –субгенома; а моносомная линия Mo67 имеет нехватку по хромосоме 6 At –субгенома.

Изучение моносомной линии Mo4 выявило гомологичность моносомы с одной из хромосом в обмене у линии TT13R-19R. В американской Цитогенетической коллекции отсутствуют моносомные линии по хромосомам 13 и 19, а имеется лишь третичный моносомик по хромосоме 19. При исследовании Mo62 с линией TT8R-19R была обнаружена конъюгация в виде 24 бивалентов и одного тривалента, что указало на гомологичность моносомы и одной из хромосом в обмене у моносомной линии Mo62. Поскольку, предварительное исследование с молекулярными маркерами указало на локализацию специфического маркера, характерного для хромосомы 8, можно предполагать, что нехватка хромосомы у линии Mo62 гомологична хромосоме 8 At –субгенома хлопчатника. В американской Цитогенетической коллекции отсутствует моносомная линия по хромосоме 8, а имеется лишь телоцентрик по короткому плечу. Все это указало на уникальность моносомных линий Mo4 и Mo62 Цитогенетической коллекции НУУз.

Таким образом, использование тестерных линий с идентифицированными хромосомами позволило провести унифицированную идентификацию и нумерацию унивалентных хромосом у 14 моносомных линий Цитогенетической коллекции НУУз, которые имели нехватки по пяти различным негомологичным хромосомам генома хлопчатника (хромосомы 2, 4, 6, 7 и предварительно, 8 и 13 At-субгенома). Десять других моносомиков были выявлены как дубликаты двух негомологичных хромосом (хромосомы 2 и 4). Наиболее часто среди идентифицированных хромосом моносомных линий встречалась хромосома 4 (7 раз), затем хромосома 2 (3 раза), как в результате облучения пыльцы и тепловыми нейтронами, так и в потомствах десинаптических растений.

СУВ ТАНҚИСЛИГИ МУАММОСИГА ҚАРШИ КУРАШИШДА ТУРЛАРАРО ДУРАГАЙЛАШ АСОСИДА ОЛИНГАН ТИЗМАНИНГ МОРФО-БИОЛОГИК ХУСУСИЯТЛАРИ

Санаев Н.Н.

Ўзбекистон Республикаси Фанлар академияси
Генетика ва Ўсимликлар экспериментал биологияси институти,
111226, Ўзбекистон, Тошкент вилояти Қибрай тумани Юқори-юз кўчаси
Sanaev.nor@yandex.ru

Сув ва ер ресурсларидан самарали фойдаланиш кўп жиҳатдан замонавий ресурс тежамкор технологияларни қўллашга боғлиқдир. Сув танқислиги шароитида ерларни мелиоратив ҳолатини яхшилаш ва сув тежамкор технологияларни жорий этиш орқали унумдорликни ошириб бориш энг асосий вазифалардан ҳисобланади. Бозор иқтисодиётига ўтиш даврида қишлоқ хўжалигида субъектлар хусусийлаштирилди, сувдан фойдаланиш тизимида янги институционал ўзгаришлар амалга оширилмоқда. Бироқ ўтиш даврида сув тежамкорлик тушунчалари позицияси бироз чекинди. Шунингдек, бу тизимдаги асосий воситаларининг эскириши сув исрофгарчилигини ошиб боришига сабаб бўлди [1].

Сўнгги йилларда мамлакатимизда сув ресурсларидан самарали фойдаланиш бўйича бир қатор қонун, фармон ва қарорлар асосида амалий ишлар олиб борилмоқда. Шулардан, Ўзбекистон Республикаси Президентининг 2012 йил 22 октябрда қабул қилинган ПФ-4478 фармонида кўра, томчилаб суғоришни жорий қилган юридик шахсларнинг томчилаб суғорилаётган ер майдони 5 йил муддатга ягона ер солиғидан озод қилиниши қайд этилган [2].

Сув тежамкор технологиялар сезиларли миқдордаги сувни тежашга имкон бериши билан бирга уларни жорий этиш учун катта миқдорда маблағ ҳамда, ушбу технологияга мос ўсимлик навлари ҳам бўлишлигини талаб қилади. Республикамиз пахтачилик хўжаликларида экилаётган ғўза навларининг аксарияти бу технологияга жавоб бермайди. Чунки томчилаб суғориш технологияси орқали ҳосилдорликни оширишда, асосан кўчат сонининг кўпайтириш ҳисобига амалга оширилади. Бунда ўсимлик бўйининг паст бўлишига, тарвақайлаб кетмаслигига ва маҳсулотнинг сифат кўрсаткичлари юқори бўлишлигига катта эътибор қаратилади. Лабораториямизда бир қанча йиллар давомида сув танқислигига чидамли навларни яратиш устида илмий изланишлар олиб борилади. Сўнгги йилларда олинган натижалар асосида сув тежамкор технологияларда қўллаш мумкин бўладиган Л-8 тизмаси ажратиб олинди.

Л-8 тизмаси турлараро дурагайлаш асосида F10[(G.thurberi x G.anomalum) x C-4880] олинган дурагай комбинациядан кўп йиллик якка танлов орқали ажратиб олинган. 2016 йилда териб олинган якка танлов материалларига кўра, Л-8 тизмаси конуссимон 1-тип шохланишга эга бўлиб, вегетация даври 104,6±4,8 кун; асосий пояси баландлиги 88,0±2,4 см; ҳосил шохининг сони 14,7 ± 0,6 та; ўсув шохининг сони 0 (75%) – 1 (25%) та; ҳосил шохлари бўғим ораси 2,5–3,5 см; барг улчами 88,9±2,5 см²; барглар сони 45,8±3,9 дона; 1 та ўсимликдаги умумий кўсақлар сони 18,7±1,2 дона; 1 та кўсақдаги пахта вазни 5,8±0,1 гр; тола чиқими 41,6±0,4 %; тола узунлиги 34,0±0,2 мм; 1000 дона чигит вазни 106,9±1,9 гр; 1та ўсимликдан териб олинган пахта ҳосили 78,0±4,7 граммни ташкил этди.

Л-8 тизмаси турлича сув билан таъминланган шароитларда ҳам ҳосил элементларини максимал даражада ушлаб қолади, асосий поя баландлиги ўзгармайди, ҳосил шохлари 1-типга хос бўлганлиги учун тарвақайлаб кетмайди, илдиз тизими жуда кучли ривожланмаган, шунинг учун бўйи ўсиб кетмайди. Ушбу хусусиятлари ҳисобига кўчатлар сонини икки баробарга орттириш мумкин. Бу эса ҳосилдорликни кескин кўпайтиради. Ҳосил элементларининг чекланганлиги ҳисобига эрта ва сифатли ҳосил териб олиш мумкин. Тола чикими жуда юқори бўлиб, эрта пишарлиги билан ажралиб туради.

Фойданилган адабиётлар:

1. Қўзиёев К.Ф. Сувдан самарали фойдаланишда ресурс тежамкор технологияларни қўллашнинг минтақавий муаммолари // “Иқтисодиёт ва инновацион технологиялар” илмий электрон журнали. -№ 1, март-апрель, 2015. www.iqtisodiyot.uz
2. Ўзбекистон Республикаси қонун ҳужжатлари тўплами, 2013 й., 26-сон, 334-модда.

G.HIRSUTUM L. ТУРИГА МАНСУБ ҒЎЗАНИНГ F1 ДУРАГАЙЛАРИДА “БИТТА КЎСАКДАГИ ПАХТА ОҒИРЛИГИ” БЕЛГИСИНИНГ ИРСИЙЛАНИШИ

Хамдуллаев Ш.А., Набиев С.М., Абдушукирова С.К., Шавқиев Ж.Ш.

Генетика ва ўсимликлар экспериментал биологияси институти,
111226, Ўзбекистон, Тошкент вилояти Қибрай тумани Юқори-юз кўчаси
shuxratxamdullayev@mail.ru

Ғўза ўсимлигида битта кўсақдаги пахта оғирлиги ҳосилдорликнинг асосий таркибий қисмларидан ҳисобланади. Шунинг учун ҳам, генетик селекцион изланишларда мазкур белгининг ирсийланиши ва ўзгарувчанлигини ўрганишга алоҳида эътибор берилади.

Тажрибамизда оналик шакли сифатида барг шакли бешпанжали-киртикли Тошкент-6 ва С-6524 ғўза навларидан, оталик сифатида барг шакли яхлит думалоқ Л-501 тизмаси ва Окра (бешпанжали-қирқимли) типли намунасида чатиштиришда фойдаланиб олинган F1(Тошкент-6 х Л-501), F1(С-6524 х Окра), комбинацияларида “битта кўсақдаги пахта оғирлиги” белгисининг ирсийланиши ўрганилди.

Тошкент-6 навида битта кўсақдаги пахта оғирлиги $5,6 \pm 0,1$ г. ни, Л-501 тизмасида $4,6 \pm 0,1$ г. ни, F1(Тошкент-6 х Л-501) комбинацияси ўсимликларида эса $6,6 \pm 0,2$ г. ни ташкил этди ва белги ўта устунлик ($h_p=3.0$) ҳолатида ирсийланди. Гетерозис даражаси 129.4 % ни ташкил қилди.

Битта кўсақдаги пахта оғирлиги бўйича бир – бирдан янада кўпроқ фарқ қилган С-6524 нави ва Окра намунасида ўртача кўрсаткич мос равишда $5,6 \pm 0,2$ г. ва $7,5 \pm 0,2$ г. ни, F1(С-6524 х Окра) дурагай комбинациясида эса $5,7 \pm 0,5$ г. ни ташкил этди ва белги паст кўрсаткичли С-6524 навининг тўлиқсиз устунлиги ($h_p= -0,9$) ҳолатида ирсийланди.

Шундай қилиб, бешпанжали-киртикли барг шаклига эга навлар оналик, барглари яхлит думалоқ тизма ва бешпанжали-қирқимли (окра) намуна оналик сифатида олинган F1 ўсимликларида “битта кўсақдаги пахта оғирлиги” мос равишда

ижобий ўта устунлик ва паст кўрсаткичли шаклнинг салбий тўлиқсиз устунлиги ҳолатида ирсийланди.

ДЎЗАДА КОНВЕРГЕНТ ОИЛА ВА ТИЗМАЛАРНИНГ ҚИММАТЛИ ХЎЖАЛИК БЕЛГИЛАРИ БЎЙИЧА КЎРСАТКИЧЛАРИ

Холмуродова Г.Р., Баротова А.Р., Ҳошимова Д.К., Данияров С.Б.

Тошкент Давлат аграр университети
Тошкент вилояти, Қибрай тумани, Университет кўчаси, 2-уй.
gozal.xolmurodova.66@mail.ru anisa.baratova@mail.ru

Республикада ғўза навлари генетикаси ва селекцияси борасидаги ишлар доимо долзарб бўлиб ҳисобланади. Шундай экан турли хил анъанавий чатиштириш услубларидан фойдаланиб, янги навлар яратиш муҳим аҳамият касб этади. 1 дона кўсақдаги пахта вазни ва 1000 дона чигит вазнининг юқори бўлиши ҳосилдор навлар яратишга замин яратса, тола чиқими ва тола узунлигининг жаҳон андозаларига мос равишда ижобий кўрсаткичларга эга бўлиши яратилаётган навнинг қийматини янада оширади. Ушбу қимматли хўжалик белгиларни яхшилаш борасида узлуксиз равишда изланишлар олиб борилиши муҳим аҳамият касб этади. Тадқиқотларда ғўзада турли хил услубдаги конвергент чатиштиришлар орқали олинган конвергент дурагай-оила, тизмалар қимматли хўжалик белгилари бўйича таҳлил қилинди.

2016 йилги маълумотларига кўра, трансгрессив рекомбинациялаш принципи асосидаги конвергент дурагайларнинг 1 та кўсақдаги пахта вазни 5,4 г (О-179-188) дан 6,1 г (О-363-364) гача, бирлашган трансгрессив рекомбинациялаш принципи ва тўлиқсиз қайта чатиштиришлар орқали олинган конвергент дурагай-оилаларда эса 5,9 г (О-965-966) дан 6,3 г (О-233-234, О-97-100) оралиқда бўлди. Ажратиб олинган тизмаларда белги бўйича андоза С-6524 нави (5,6 г) га тенг ёки ундан устун бўлганлиги намоён бўлди. Фақатгина Т-814-15/07 тизмаси ушбу белги бўйича бирмунча паст 5,3 г натижани кўрсатди. 1 дона кўсақдаги пахта вазни бўйича энг юқори кўрсаткичга эга бўлган О-363-364 (6,1 г), О-233-234 (6,3 г), О-97-100 (6,3 г) оилаларни ва Т-482-83/07 (6,1 г) тизмани белгини яхшилашда генетик-селекцион тадқиқотларда қўллаш мақсадга мувофиқдир.

1000 дона чигит вазни кўрсаткичи бўйича трансгрессив рекомбинациялаш асосидаги конвергент дурагайларда О-357-362 (114 г) оиладан ташқари барчаси андоза навидан (121,3 г) устунликни намоён этишди. Белги бўйича энг юқори кўрсаткич О-363-364 оиласида 142,7 г натижа қайд этилди. Бирлашган трансгрессив рекомбинациялаш принципи ва тўлиқсиз қайта чатиштиришлар орқали олинган конвергент дурагайларда 1000 дона чигит вазни бўйича юқори натижа кўрсатган О-965-966 (131,0 г) оиласи, Т-482-83/07 (143,2 г) тизмасини алоҳида келтириб ўтиш мумкин. Қолган ашёлар эса белги бўйича андоза С-6524 (121,2 г) навига тенг ёки ундан устун бўлганлиги қайд этилди.

Тола узунлиги белгиси бўйича трансгрессив рекомбинациялаш асосидаги конвергент дурагай оилалардан О-109-110 юқори натижа кўрсатиб, 38,7 мм тола узунлиги қайд этилди. Ажратиб олинган барча оила ва тизмалар орасидан фақатгина бирлашган трансгрессив рекомбинациялаш принципи ва тўлиқсиз қайта чатиштиришлар орқали олинган конвергент дурагайлардан О-233-234 оиласи 29,3

мм бўлган бирмунча паст натижа кўринди. Трансгрессив рекомбинациялаш принципи асосидаги конвергент оилаларда 32,2мм (О-363-364)дан 38,7мм (О-109-110)гача; бирлашган трансгрессив рекомбинациялаш ва қайта чатиштиришлар асосида олинган конвергент оилаларда 29,3 мм(О-233-234)дан 33,7 мм (О-97-100) гача, ажратиб олинган тизмаларда эса 33,5 мм (Т-814-15/07) дан 35,9 мм (Т-484-85/07) гача бўлган натижалар қайд этилди.

Тола чиқими бўйича бирлашган трансгрессив рекомбинациялаш принципи ва тўлиқсиз қайта чатиштиришлар орқали олинган конвергент дурагай–оилаларда 40,6 (О-233-234) фоиздан 40,3 (О-117-120) фоизгача бўлган энг яхши натижа кузатилди. Трансгрессив рекомбинациялаш асосидаги конвергент дурагайлардан О-363-364 оиласи 39,2фоизга, Т-484-85/07 тизмаси 38,1 фоизга тенг бўлган юқори натижаларни кўрсатди.

Хулоса тарзида шуни таъкидлаб ўтиш жоизки, мақбул суғориш тизимида 1 дона кўсакдаги пахта вазнини оширишда О-363-364, О-233-234, О-97-100 оилалардан ва Т-482-83/07 тизмасидан; 1000 дона чигит вазнини оширишда О-363-364, О-965-966 оилаларидан ва Т-482-83/07 тизмасидан; тола узунлигини оширишда О-109-110, О-97-100 оилаларидан ва Т-484-85/07 тизмасидан; тола чиқимини оширишда О-363-364 оиласидан, ва айниқса О-233-234, О-117-120 оилаларидан ҳамда Т-484-85/07 тизмасидан амалий селекция жараёнида фойдаланиш мақсадга мувофиқдир.

G.BARBADENSE L. ТУРИГА МАНСУБ ҒЎЗА НАВЛАРИНИНГ F1 ЎСИМЛИКЛАРИДА ТОЛА ЧИҚИМИ БЕЛГИСИНИНГ ИРСИЙЛАНИШИ ВА НАВЛАРНИНГ КОМБИНАТИВ ҚОБИЛИЯТИ

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

Генетика ва ўсимликлар экспериментал биологияси институти,
Ташкент вилояти, Қибрай тумани, Юқори-юз ф/й,
nurik_1980@mail.ru

2016 йил 1 ноябрда қабул қилинган 378-сонли қарорига мувофиқ, мамлакатимизда ингичка толали ғўза навларининг экин майдонларини босқичма-босқич кенгайтириш вазифаси қўйилган. Бунинг учун қимматли –хўжалик белгилари юқори кўрсаткичларга эга, жумладан тола чиқими юқори бўлган навлар яратиш лозим. Бу муаммони ҳал этишда мавжуд ингичка толали навларнинг синтетик селекция учун салоҳиятини аниқлаш талаб этилади.

Илмий изланишларимиз ЎзР ФА Генетика ва ўсимликлар экспериментал биологияси институтининг тажриба хўжалигида олиб борилди. Тадқиқотлар ашёси сифатида Бухоро-7, Дуру-Гавхар, Термиз-32, Сурхон-9 ва Сурхон-10 каби ингичка толали ғўза навлари ва F1 ўсимликларидан фойдаланилди. Тажрибада ҳар бир нав ва F1 комбинациялари рендомизация усулини қўллаган ҳолда уч қайтариқда, ҳар бир қайтариқда 4 қатордан, ҳар бир қаторда 25 та уядан иборат ҳолда жойлаштирилди. Экиш схемаси 90x20x1ни ташкил этди.

Олинган маълумотлар статистик қайта ишланди (Б.А.Доспехов [3]). Навларнинг комбинатив қобилияти В.І.Griffing [2] методи бўйича аниқланди. Тола чиқими – ғўзанинг асосий маҳсулоти ҳисобланади, ва бу муҳим хўжалик белгиси чигит оғирлиги ва тола индексига боғлиқ ҳолда ирсийланади. G.barbadense

L. турига мансуб навларни яратишда асосий эътиборни тола чиқимини оширишга қаратиш керак. С.А.Усманов, Ю.Икрамов [1].

Тола чиқими 20 та F1 комбинацияларидан 10 та комбинацияда юқори кўрсаткичли навнинг тўлиқсиз устунлиги, 8 та комбинацияда ижобий ўта доминантлик, 1 та комбинацияда паст кўрсаткичли навнинг тўлиқсиз устунлиги ва 1 та комбинацияда оралиқ ҳолда ирсийланди.

“Тола чиқими” бўйича умумий комбинатив қобиляти (УКҚ) самарасининг юқори ижобий кўрсаткичларига Сурхон-9 нави ($\hat{g}_i = 1,29$) эга бўлди. Шунингдек Термиз-32 нави ҳам ижобий кўрсаткичга тенг бўлиб, ($\hat{g}_i = 0,72$) ни ташкил этди.

Дуру гавхар навидан ташқари, барча навларда (σ^2_{si} –хусусий комбинатив қобилят варианси) σ^2_{si}

$<\sigma^2_{gi}$ (σ^2_{gi} -умумий комбинатив қобиляти варианси) ҳолати бўлиб, белгининг ирсийланишида аддитив генларнинг таъсирида бошқарилади. Дуру гавхар навида эса σ^2_{si}

$>\sigma^2_{gi}$ белгини ирсийланишини назорат қилишда ноаддитив генлар улуши кучли эканлигини билдиради. ХКҚ (хусусий комбинатив қобиляти) самарасининг юқори ижобий кўрсаткичлари Сурхон-9хБухоро-7 комбинациясида ($\hat{s}_{ij} = 0,64$) бўлган бўлса, энг юқори салбий кўрсаткичи Сурхон-9 х Термиз-32 ($\hat{s}_{ij} = -0,56$) ва Дуру гавхар х Бухоро-7 ($\hat{s}_{ij} = -0,43$) дурагай комбинацияларида намоён бўлди.

Олинган натижаларига кўра, Сурхон-9 ва Термиз-32 навларидан юқори тола чиқими эга бўлган ингичка толали ғўза навларини яратишда истиқболли донор сифатида фойдаланиш мумкин.

Фойдаланилган адабиётлар рўйхати

1.Усманов С.А. и др. - Создание доноров *G.barbadense*L. с высоким выходом волокна и массой хлопка-сырца одной-коробочки. /Мат.межд.науч-прак.конф. “Современное состояние селекции и семеноводства хлопчатника, проблемы и пути их решение”. Ташкент, 2007. с.157-159

2.Griffing В.І. – Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. *Austr. Journ. Biol Sci.*, 1956, vol.9. p.463-493

3. Доспехов Б.А. – Методика полевого опыта (с основами статистической обработки результатов исследований). Москва, Агропромиздат, 1985, 347с.

«ЃЎЗАНИ BOOLGARD(BL)ГЕНЛИ F1ДУРАГАЙЛАРИДА КЎСАК ҚУРТИГА БАРДОШЛИЛИГИНИ ИРСИЙЛАНИШИ»

¹Шодмонова Г., ¹Рахимов Б., ¹Нуриллаев И., ¹Поёнов Ш. ²Урозов Б

¹Тошкент давлат аграр университети.

Тошкент вилояти, Қибрай тумани, Университет кўчаси, 2-уй.

²Пахта селекцияси, уруғчилиги ва етиштириш агротехнологиялари ИТИ

Тошкент вилояти, Қибрай тумани, Университет кўчаси, 1-уй.

Маълумки ғўза маҳсулдорлиги кемирувчи зараркунандалар ҳисобига сезиларли даражада пасайиб кетмоқда. Республикада бу зараркунандаларга қарши катта маблағ сарфланиб, биолоборатория ва биофабрикалар ташкил этилган бўлсада, пахта ҳосилини тўлиқ сақлаб қолиш имконияти бўлмапти. Бундан ташқари биолобораторияларда тайёрланаётган маҳсулотлар етарли даражада эмаслиги ва самараси паст бўлганлиги учун ҳар йили Республикада пахта ҳосили мўлжалдагидан 400-500 минг тонна кам бўлмоқда.

Boolgard генли генетик модификацияланган ғўза навлари фақат Helicoverpa armigera ҳашоротигагина зарарли бўлиб, одамлар ва атроф-муҳит учун зарарсиз ҳисобланади. Генетик модификациялаш нафақат ғўзада, бошқа қишлоқ хўжалик экинларида ҳам қўлланилмоқда. Россияда 2009 йилдан Колорадо қўнғизига чидамли бўлган “Елизавета 2904/1 kgs” генетик модификацияланган картошка навини экишга ва аҳолига истеъмол учун чиқаришга рухсат берилган.

Boolgard генли трансген ғўза илк маротаба АҚШда 1996 йилда “Монсанто” фирмаси томонидан яратилган.

Кўсак курти (Helicoverpa armigera Hbn) ва унинг капалаги ҳаммахўр зараркунанда бўлиб, ер юзининг турли географик минтақаларида кенг тарқалган тур ҳисобланади. Эътироф этилишича, 120 турдан ортиқ ўсимликларни келиб чиқиши ва ареалининг турли қисмларида тарқалишига кўра зарарлайди (Singh, 2002) [1].

Бизнинг институтга Ҳиндистоннинг «Mahico Seed» компаниясидан кемирувчи ҳашоротларга чидамли бўлган Boolgard генли намуна келтирилган. Ушбу намуна Тошкент туманидаги карантин кўчатзоридида махсус изоляцияланган муҳитда, зараркунандалар билан сунъий зарарлантирилган ҳолда маҳаллий навлар билан таққослаб ўрганилди ва кемирувчи ҳашортларга чидамлилиги тажрибалар асосида аниқланди. Қимматли хўжалик белгилари бўйича кўрсаткичларни яхшилаш зараркунандаларга чидамлилик белгисининг ирсийланишини таҳлил қилиш мақсадида маҳаллий Наманган-77, С-6524, С-2610 ва Шодиёна навлари билан реципрок усулда чатиштириш ишлари олиб борилди ва 8 та F1 BL x С-6524, F1 С-6524 x BL, F1 BL x Шодиёна, F1 Шодиёна x BL, F1 BL x С-2610, F1 С-2610 x BL, F1 BL x Наманган-77 ва F1 Наманган-77 x BL дурагай комбинациялари олинди.

Boolgard генли намуна, маҳаллий навлар ва улар иштирокида олинган F1дурагай комбинацияларини кўсак куртига чидамлилиги ўрганилганда Boolgard генли намунада 8.0 фоиз кўсаклар зарарланганлиги, маҳаллий навларда эса 25,3 фоиз (С-2610 нави) дан, 18,6 фоиз (Шодиёна нави) гача кўсаклар зарарланганлиги кузатилди. Маҳаллий навларга нисбатан Boolgard генли F1 дурагай комбинацияларда кўсак курти билан зарарланган кўсакларлар 7.87 фоиздан 11.05 фоизгача бўлиб, маҳаллий навларга нисбатан камроқ зарарланганлиги кузатилди.

Ҳашоратларга чидамлилиқ белгиси доминант ҳолда ирсийланди, F1 ўсимликларининг аксарияти Boolgard генли намуна кўрсаткичига яқин бўлди. Бу эса VL генли бўлган ўсимликларда яқка танлов самараси юқори бўлади.

Тажрибаларимиздан маълум бўлдики, Boolgard генига эга бўлган дурагайларда маҳаллий навларга нисбатан кўсақлар сони камроқ бўлсада, кўсақ куртига чидамлилиги юқори бўлди. Шу боис ушбу дурагайлар устида тадқиқотларни давом эттириш янада яхшироқ натижалар олиш имкониятини беради. Фойдаланилган адабиётлар

1. Singh S.P., Ballal C.R., Poorani J. Old world bollworm *Helicoverpa armigera*, associated *Heliothinae* and their natural enemies. Project Directorate of Biological Control. Bangalore. India. Technol. Bull. 2002. N. 31. 135 p.

**ҒЎЗАНИНГ ЯНГИ ЎЗФА-710 НАВИНИНГ БИР КЎСАҚ ОҒИРЛИГИ
БЕЛГИСИ КЎРСАТКИЧИНинг ТУРҒУНЛИГИНИНГ ГЕНОТИП-ТАШҚИ
МУҲИТ ТАЪСИРИДА САҚЛАНИШИНИ ПОПУЛЯЦИЯВИЙ ТАҲЛИЛИ**
Эргашев О.Р., Қаҳҳоров И.Т., Қодирова М.Р., Ҳакимов А.Э.

Генетика ва ўсимликлар экспериментал биологияси институти,
Ташкент вилояти, Қибрай тумани, Юқори-юз ф/й,
igebr_anruz@genetika.uz

Селекция-уруғчилик ишларидан кўзланадиган мақсад жорийдаги навлардан бир қатор белгилари устун бўлган янги навларни яратиш ва уларнинг популяцияларини шу белгиларининг турғунлигини кейинги авлодларда сақланишини таъминлашдир. Бир дона кўсақдаги пахта вазни маҳсулдорликнинг асосий таркибий қисмларидан ҳисобланади. Адабиётларда [2],[3],[4] битта кўсақдаги пахта вазнининг нисбатан кам ўзгарувчан белги эканлиги қайд қилинган. Шунингдек, генетик ва селекцион изланишларда мазкур белгининг ирсийланиши ва ўзгарувчанлигини ўрганишга алоҳида эътибор берилди [1].

Биз ҳам қуйида узок йиллик илмий изланишлар асосида яратилган ғўзанинг янги ЎзФА-710 навининг бир кўсақ оғирлиги белгисининг уч йиллик ўртача кўрсаткичларини популяциявий таҳлили натижаларни келтирдик.

Таҳлилларимиз натижасида шу нарса маълум бўлдики, мазкур нав популяцияларининг бир кўсақдаги пахтаси вазни ўртача 2010 йилда $5,54 \pm 0,10$ гр ни ва популяциясининг тебраниш даражаси $\sigma=0,68$ ни ташкил этди. Бу кўрсаткичнинг 2011 йилдаги кўриниши $4,88 \pm 0,11$ гр ни ва популяциясининг тебраниш даражаси $\sigma=0,76$ ни ташкил этди. 2012 йилдаги таҳлилий натижаларнинг кўрсатишича мазкур йилда ушбу нав популяцияларидаги бир кўсақ пахтаси оғирлиги белгисининг ўртача кўрсаткичи $5,33 \pm 0,10$ гр ни ва популяциясининг тебраниш даражаси $\sigma=0,65$ ни ташкил этди. Ўртача уч йиллик маълумот ҳам юқоридаги кўрсаткичларни ўзида акс эттиргани ҳолда $5,25 \pm 0,10$ гр ни ва популяциясининг тебраниш даражаси $\sigma=0,69$ ни ташкил этгани маълум бўлди.

Бу маълумотлар ушбу нав популяциясининг бир кўсақ пахтаси оғирлиги белгиси кўрсаткичлари уч йил давомида кескин ўзгармаганини ва аксинча биринчи йилдаги кўрсаткич билан иккинчи йилдаги фарқ сезиларсиз, яъни $0,07$ гр га, иккинчи йилдаги кўрсаткич билан учинчи йилдаги кўрсаткичлар орасидаги фарқ эса $0,05$ гр ни ташкил этди. Юқорида келтириб ўтилган таҳлилий натижаларга кўра,

ғўзанинг мазкур ЎзФА-710 нави популяциясида уч йил давомида ўрганилган бир кўсак пахтаси оғирлиги белгиси кўрсаткичларининг турғунлиги сақлангани, бу белги кўрсаткичларининг генотипик ўзгариш (ажралиш) кузатилмагани маълум бўлди.

Демак, ушбу нав популяциясида бир кўсак пахта оғирлиги белгиси кўрсаткичларининг маълум бир доирада тебраниб туриши, ташқи муҳит омиллари таъсирида қайси томонга силжишидан қатъий назар кейинги авлодларда нав популяциясиининг генотибидаги генларнинг назорати остида яна ўзига хос бўлган хусусиятларини намоён эттираверар экан.

Фойдаланилган адабиётлар:

1. Матниязова Х.Х., Шеримбетов А.Г. G.Hirsutum L. навлари дурагайларининг иккинчи бўғинида битта кўсақдаги пахта оғирлиги белгисининг ўзгарувчанлиги. ЎЗМУ “Биология ва экологиянинг долзарб муаммолари” мавзусидаги илмий-амалий анжумани материаллари тўплами. 2015-й, 135-137 б.
2. Автономов В.А., Кимсанбаев О.Х., Тангиров З. Изменчивость и наследуемость массы хлопка – сырца одной коробочки на растении у межлинейных гибридов F1-F2 хлопчатника. // Теоритические и практические аспекты развития селекции и семеноводства хлопчатника и люцерны: Материалы Респ. Науч.-прак. конф. – Тошкент, - С. 119-123.
3. Аллашов Б., Ибрагимов Ш., Ибрагимов П. Наследование скороспелости у парных и сложных гибридов средневолкнистого хлопчатника // Состояние селекции и семеноводства хлопчатника и перспективы ее развития: Материалы межд. науч. – прак. конф. – Ташкент, 2006. С. – 50-52.
4. Ибрагимов П.Ш., Аллашев Б.Д., Амантурдиев Ш.Б. Ғўза селекциясида мураккаб дурагайлаш. – Тошкент, ФАН. 2010. – 128 с.

ҒЎЗАНИНГ ЭКОЛОГО-ГЕОГРАФИК УЗОҚ ДУРАГАЙЛАРИДА БИР ДОНА КЎСАҚДАГИ ПАХТА ВАЗНИ БЕЛГИСИНING ШАКЛЛАНИШИ

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

Пахта селекцияси, уруғчилиги ва етиштириш агротехнологиялари ИТИ
111218, Ўзбекистон, Тошкент вилояти, Қибрай тумани, Университет кўчаси
paxtauz@mail.ru

Маълумки, кўпгина олимлар томонидан янги ғўза навларини яратишда эколого-географик жиҳатдан узоқ бўлган ғўза шаклларини дурагайлаш услуги ўзига хос ўринга эга эканлиги ва ушбу услуб қўлланилганда ноёб белгиларнинг ижобий мажмуасига эга рекомбинантларнинг пайдо бўлиш эҳтимоли юқорилиги тажрибаларда исботланган.

Тадқиқотлар ПСУваЕАИТИнинг “Ғўза генетикаси ва цитологияси” лабораториясида лойиҳалар доирасида ташкил этилган кўчатзорларда олиб борилди. Тадқиқот ашёси сифатида АҚШда келтирилган ВС3S1-1-6-3-15 ва ВС3S1-47-8-1-17 ғўза намуналари ва маҳаллий С-6524, С-6530 ва С-6532 навлари иштирокида олинган дурагайлардан фойдаланилди. Ушбу изланишларимиз чигити таркибида (+)-госсиполи юқори бўлган АҚШ намуналари ва маҳаллий навларни чатиштириш орқали бир неча йиллар давомида халқаро грант доирасида ажратиб олинган дурагайларда бошқа хўжалик учун қимматли белгилар билан бир қаторда, чигитида

(+)-госсипол микдорининг юқорилиги билан ҳам алоҳида аҳамиятга эга эканлигини таъкидлаш лозим.

Тадқиқотларимизда эколого-географик узоқ ғўза дурагайларининг F6 авлодида ҳосилдорликни ташкил этувчи асосий элементлардан бўлган бир дона кўсақдаги пахта вазни белгисининг шаклланиш жараёни таҳлил қилинди.

Ўрганилган дурагайларда бир дона кўсақ вазнининг ўртача кўрсаткичи 4,7 граммдан (F6BC3S1-47-8-1-17 х С-6532) 6,0 граммгача (F6C-6530 х BC3S1-47-8-1-17) ораликда бўлгани аниқланди. Ушбу натижалар белги бўйича кенг ажралиш жараёни юз берган дастлабки авлодларда танлов ишларининг тўғри олиб борилганлигини яхши тасдиқлайди. Натижада, F6 авлодга келиб аксарият комбинацияларнинг бир дона кўсақ вазни бўйича ўртача кўрсаткичлари андоза С-6524 нави даражасида ёки ундан юқори бўлди. Айниқса, F6C-6530 х BC3S1-47-8-1-17, F6BC3S1-47-8-1-17 х С-6530 ва F6BC3S1-47-8-1-17 х С-6524 комбинацияларида бир дона кўсақдаги пахта вазнининг ижобий даражада шаклланиши, яъни андоза навга нисбатан 0,6-0,7 граммга юқори бўлганлигини таъкидлаш лозим. Фақатгина F6BC3S1-47-8-1-17 х С-6532 ҳамда F6Л-16/04 х BC3S1-1-6-3-15 дурагайларида бир дона кўсақ вазни андоза навга нисбатан паст бўлганлиги аниқланди.

Бир дона кўсақдаги пахта вазнининг дисперсион ўзгарувчанлиги бўйича ҳам F6 авлод кўрсаткичлари аввалги йилларга нисбатан пасайганлиги белгини яхшилашга эришганлигимизни тасдиқлайди. Фикримизнинг исботи сифатида F6C-6530 х BC3S1-1-6-3-15, F6BC3S1-47-8-1-17 х С-6530 ва F6BC3S1-1-6-3-15 х С-6524 дурагайларидан ташқари (тегишли равишда 1,08 %, 1,06 % ва 1,0 %) барча дурагай комбинацияларнинг дисперсия кўрсаткичлари андоза навга нисбатан паст эканлигини келтириш мумкин.

Бир дона кўсақ вазнининг вариацион ўзгарувчанлик даражаси бўйича олинган натижалар ҳам аксарият комбинацияларнинг нисбатан барқарорлашганини кўрсатди. Бироқ, F6C-6530 х BC3S1-1-6-3-15, F6BC3S1-1-6-3-15 х С-6524 ва F6BC3S1-47-8-1-17 х С-6530 комбинацияларида (тегишли равишда 20,3%, 18,3% ва 18,0%) нисбатан юқори ўзгарувчанлик коэффициенти кузатилиб, келгусида ушбу комбинациялар орасидан белги бўйича танлаш ишларини давом эттириш зарурлигидан далолат беради.

Шундай қилиб, ўрганилган дурагайларда бир дона кўсақдаги пахта вазни белгисининг ўртача кўрсаткичи, дисперсион ва вариацион ўзгарувчанлик бўйича олинган натижалар асосида эколого-географик узоқ дурагайларнинг F6 авлодига келиб белгининг барқарорлашиши ва улар орасидан танлаш натижасида юқори кўрсаткичга эга селекцион ашёларни ажратиш олиш имконияти пайдо бўлишини хулоса қилиш мумкин.

ҒЎЗАНИНГ ЮҚОРИ АВЛОД ДУРАГАЙЛАРИДА ТОЛА ЧИҚИМИНИНГ ШАКЛЛАНИШИ ВА ЎЗГАРУВЧАНЛИГИ

Юлдашева Р.А., Амантурдиев И.Ғ.

Пахта селекцияси, уруғчилиги ва етиштириш агротехнологиялари ИТИ
111218, Ўзбекистон, Тошкент вилояти, Қибрай тумани, Университет кўчаси
paxtauz@mail.ru

Маълумки, ғўза асосан толаси учун етиштирилади ва яратилажак ғўза навларида тола чиқими юқори бўлиши муҳим ҳисобланади. Юқори тола чиқими эга навларни яратиш долзарб ҳисоблангани учун, аксарият олимларнинг тадқиқотларида белгини ўрганишга алоҳида эътибор қаратилади. Муаммонинг долзарблигидан келиб чиқиб, изланишларимизда эколого-географик ва генетик узок дурагайларнинг F5- F7 авлодларида тола чиқими белгисини шаклланиш жараёни ва ўзгарувчанлиги таҳлил этилди.

Тола чиқими бўйича олинган маълумотлар F5 дурагайларининг кўрсаткичлари ижобий бўлганлигини кўрсатди. Айниқса, АҚШ намуналарининг тола чиқими кўрсаткичи юқори, яъни тегишли равишда 38,4 % ва 40,7 % ни ташкил этганлиги аниқланди. Ушбу намуналар генотипининг ижобий таъсири натижасида улар иштирокида олинган аксарият дурагайларнинг кўрсаткичи ҳам юқори бўлди. Фикримизнинг исботи сифатида F5C-6530 х BC3S1-47-8-1-17, F5C-6532 х BC3S1-47-8-1-17, F5C-6530 х BC3S1-1-6-3-15, F5C-6532 х BC3S1-1-6-3-15 дурагай комбинацияларининг тола чиқими 40 % ва ундан юқори бўлганлигини келтириш мумкин (1-жадвал). Ушбу дурагайларнинг кўрсаткичи андоза C-6524 навига нисбатан 4 % гача юқори экани, шунингдек F5Л-10/04 х BC3S1-47-8-1-17 ва F5Л-16/04 х BC3S1-47-8-1-17) дурагайларнинг ҳам тола чиқими андоза C-6524 навига нисбатан (36,5 %) сезиларли равишда юқори бўлганлиги аниқланди.

Белги бўйича нисбатан паст кўрсаткич F5BC3S1-47-8-1-17 х C-6524 ва F5BC3S1-47-8-1-17 х C-6530 комбинацияларида қайд этилиб, уларнинг тола чиқими тегишли равишда 34,3 % ва 35,7 % эканлиги аниқланди. Ушбу авлодда белги бўйича олинган маълумотларнинг таҳлили асосида, юқори тола чиқими эга АҚШ намуналари дурагайлашда оталик шаклида иштирок этган дурагайларнинг кўрсаткичи ижобий бўлиш эҳтимоли юқори эканилигни хулоса қилиш мумкин.

Аксарият F6 дурагайларида ҳам тола чиқимининг андоза навга нисбатан юқори эканлиги кузатилди. Айниқса, F6C-6530 х BC3S1-1-6-3-15, F6C-6532 х BC3S1-1-6-3-15 ва F6Т-10/04 х BC3S1-47-8-1-17 комбинацияларининг тола чиқими 40% дан ошиқ бўлганлигини таъкидлаш лозим. Ушбу авлодда фақат 2 та дурагай комбинацияси (F6BC3S1-1-6-3-15 х C-6530 ва F6BC3S1-47-8-1-17 х C-6524) нисбатан паст тола чиқимини (тегишли равишда 32,2% ва 35,4%) намоён этиб, қолганлари андоза нав даражасида ёки устун бўлганлиги аниқланди.

Барча ўрганилган дурагайлар тола чиқимининг дисперсия кўрсаткичлари бўйича ҳам андоза навга (2,89%) нисбатан паст кўрсаткични намоён этиб, 1,29% дан (F6Т-10/04 х BC3S1-47-8-1-17) 2,91% гача (F6C-6524 х BC3S1-47-8-1-17) ораликда эканлиги аниқланди. Белгининг ўзгарувчанлик даражаси бўйича деярли барча ҳолларда (F6C-6524 х BC3S1-47-8-1-17 дурагайдан ташқари) андоза навдан паст, яъни 3,17 % (F6Т-10/04 х BC3S1-47-8-1-17) дан, 7,0 % гача (F6BC3S1-47-8-1-17 х C-6530 ва F6BC3S1-1-6-3-15 х C-6524) ораликдаги кўрсаткич кузатилди.

Дурагайларнинг F7 авлодининг тола чиқими ҳам F5-F6 авлодларида кузатилганидек ижобий бўлганлиги кузатилди. Ўрганилган барча дурагай комбинацияларда тола чиқими андоза C-6524 навидан 0,7-4,8 % гача юқори эканлиги аниқланди. Ушбу авлодда энг юқори тола чиқими F7Т-16/04 х ВС3S1-1-6-3-15 комбинациясида (39,7%) ва энг паст кўрсаткич F7BC3S1-47-8-1-17 х C-6532 комбинациясида (35,6 %) кузатилди.

Тола чиқими бўйича дисперсия кўрсаткичлари борасида ҳам барча ўрганилган дурагайлар андоза навга нисбатан паст кўрсаткични, яъни белги бўйича барқарор эканлигини намоеън этишди. Дурагайларнинг дисперсияси 1,46 % дан (F7Т-16/04 х ВС3S1-1-6-3-15) 3,8 % гача (F7BC3S1-1-6-3-15 хC-6524) ораликда эканлиги, андоза навники эса 4,6 % бўлганлиги аниқланди. Лекин, АҚШ намунасида тола чиқимининг дисперсия кўрсаткичи 5,7 % ни ташкил этганини, яъни андоза нав ва ўрганилган барча дурагайлардан юқори бўлганлигини таъкидлаш лозим. Бу эса, ушбу намунада белги бўйича танлаш ишларини олиб бориш зарурлигидан далолат беради.

Хулосалар: - ғўза намуналари ва навларини эколого-географик узок чатиштириш натижасида яратилган дурагайларнинг дастлабки авлодларида тола чиқимининг шаклланиши юқори тола чиқимига эга АҚШ намуналари генотипи таъсирида юз бериши натижасида кенг ўзгарувчанликка ҳамда ижобий трансгрессив шаклларнинг пайдо бўлишига эришиш мумкин;

- эколого-географик ва генетик узок шаклларни чатиштириш асосида яратилган F5-F7 дурагайларининг тола чиқими кўрсаткичлари аввалги авлодларда белги бўйича танлаш ишлари тўғри олиб борилганлигини тасдиқлайди;

- изланишларимиз натижасида ажратиб олинган юқори тола чиқимига эга ғўза оилалари генетик-селекцион тадқиқотларда бошланғич ашё сифатида фойдаланиш учун тавсия этилади.

III Биотехнология

СОВЕРШЕНСТВОВАНИЕ БИОТЕХНОЛОГИИ ПОЛУЧЕНИЯ ЭТАНОЛА, ИНТЕНСИФИКАЦИЕЙ ТЕХНОЛОГИЧЕСКОГО ПРОЦЕССА

Абдукаримов Д.И., Д.Т.Мирзарахметова

Национальный университет Узбекистана имени Мирзо Улугбека,
100174, Узбекистан, г. Ташкент, ул. Университетская, 4
divya_shakti@hotmail.com

Улучшение качества пищевых продуктов, которые бы соответствовали современным Европейским стандартам – одна из основных задач современной биотехнологии пищевых продуктов и потому перед биотехнологией этилового спирта стоят актуальные научно-технические задачи, решение которых позволит увеличить выход этанола из исходного сырья и улучшить качественные показатели продукции. В этой связи, в совокупность проблем, требующих дальнейшего развития входят вопросы оптимизации процесса брожения.

Поэтому целью данной работы была оптимизация процесса брожения путем двуступенчатого сбраживания суслу с использованием иммобилизованных дрожжей на второй ступени брожения.

Ранее была разработана технология получения высококачественных виноматериалов на основе управляемого культивирования дрожжей и исследовано влияние углеводного и температурного ограничения на второй ступени брожения на сверхсинтез гидролитических ферментов и выявлена технологическая значимость таких ферментов, как липаза, эстераза, инвертаза, протеаза. Технология была использована для выделения дрожжевой эстеразы и решения прикладных задач эфиообразования при брожении. Однако, полученные данные не решили одну из основных проблем спиртовой промышленности, решением которой является совершенствование технологического процесса спиртового брожения в целях полного сбраживания суслу и увеличения тем самым количества этанола в бродящей среде.

Поэтому, процесс брожения был оптимизирован подбором питательной среды на основе сока топинамбура и солодового суслу и обработкой бродящей среды на второй иммобилизованными дрожжами. В работе были использованы дрожжи *Saccharomyces uvarum*. Исследования показали, что оптимальной питательной средой для культивирования дрожжей была среда, состоящая из сока топинамбура (20% с.в.) и солодового суслу (14% с.в.) в соотношении 3:1. Первую ступень брожения проводили классическим способом путем сбраживания питательной среды (18%) при 20°C до остаточных сахаров 10%, далее бродящую среду направляли на вторую ступень брожения, представляющую собой биореактор с носителем и иммобилизованными дрожжами, и проводили дображивание в лимитированных условиях.

Результаты показали, что дрожжи лучше развивались в вышеуказанных технологических параметрах. Предлагаемая технология открывает возможность оптимизировать процессы брожения, интенсифицировать процессы брожения, решить проблемы «недобродов» и улучшить дегустационные показатели сброженных материалов в производства пива и вин. Полученные результаты могут

также найти своё применение в пищевой промышленности для совершенствования технология получения сброженных материалов для производства дистиллятов для приготовления дистиллятов, бренди, виски, ликёро-водочных изделий и т. д.

БИОТЕХНОЛОГИК *IN VITRO* ШАРОИТИДА МАДАНИЙ ЎСИМЛИКЛАРНИ КАСАЛЛИКЛАРГА БАРДОШЛИЛИГИНИ ОШИРИШНИНГ ЗАМОНАВИЙ МОЛЕКУЛЯР ТЕХНОЛОГИЯСИ.

Аллаяров ¹Л.К., Аллаяров ²С.К

¹ЎзРФА Генетика ва ўсимликлар экспериментал биологияси институти,
111226, Тошкен вилояти Қибрай тумани Юқори-Юз маҳалласи

Latif_07@mail.ru

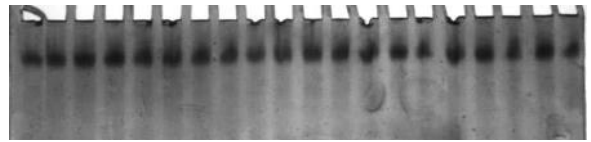
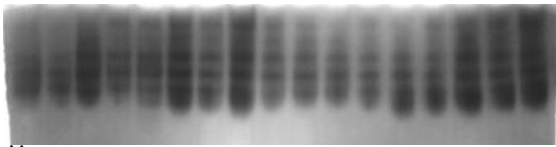
²Термиз Давлат Университети, Термиз шаҳри А.Навоий кўчаси 43-уй

alsir@umail.uz

Ўввойи ўсимликлар оламида тадрижий ривожланиш жараёнларида ташқи муҳитнинг турли таъсирларига адаптация жараёни табиий равишда жуда мукамал даражада тараққий этган. Маданий ўсимликларда биоморфологик адаптация жараёнлари ўввойи ўсимликларга нисбатан анчайин суғ ҳисобланади. Ушбу хусусиятларни ўсимликлардаги физиологик ва биокимёвий жараёнларда ҳам яққол кўриш мумкин. Ўсимлик хўжайрасининг ноқулай омилларга жавоб реакцияси сифатида физиологик қўзғалишдан бошланади. Бу қўзғалиш ҳолатида ўсимлик тўқималарида моддалар алмашинувини секинлаштирувчи этелин ва абцизин кислотаси каби гармонлари кўпайиши туфайли бошланади ва стресс оқсиллар ҳосил бўла бошлайди.

Бизнинг татқиқотларимиз мақсади маданий ўсимликлар ғўза ва бир қанча дуккакли ўсимликлар навлари уруғларидаги захира оқсиллардан фойдаланилган ҳолда ушбу нав популяциясини (генотипини) касалликларга чидамлилигини маркер изоферментлар асосида баҳолашдан иборат. Натижада олинган ўсимлик нави уруғларида *in vitro* шароитида молекуляр даражада иммунологик тест ўтказилади, ҳамда ўсимликларни ўз-ўзини химоя қилиш механизмларидан фойдаланилган ҳолда популяциянинг касалликларга чидамлилиги табиий равишда таъминланади. Маданий ўсимликлар максимал ҳосилдорлиги унинг касалланиш даражаси билан корреляцияси юқоридир. Ўсимликларни касалликларга чидамлилилик даражасини аниқлашда биологиянинг молекуляр замонавий оқсилли ва ферментатив маркерларга асосланган (МАС) технологиялар алоҳида ўрин тутди. Чунки ўсимлик хўжайрасидаги оқсил молекулалари ўзгармас сифат кўрсаткич ҳисобланади.

Сунъий касаллантирилган дала шароитида касалликка чалинган (чидамсиз) ғўза навлари уруғлари таркибидаги дифенолоксидаза ферментини текширганимизда, албатта, ўсимлик генотипида касалликка қарши ген экспрессия натижасида оқсиллар қисман синтез бўлган ва касалликка қарши фермент тизими фаоллашган, лекин изозимлари ҳосил бўлмаган, натижада замбуруғ ўз таъсирини ўсимлик фенотипида ҳамда биокимёвий жиҳатдан барча фермент маркерлар бир чизикдалиги билан яққол кўринган (1-расм).



Ўсимликлар амалий биокимёси лабораториясида юқоридаги услубда бошқа ғўза навлари ва тизмалари Шодлик-11, ва АН-18 популяцияларидан чидамли генотипга эга бўлган биотипларни МАС усулида ажратиб олиб, ҳосилдорлиги яна қайта текширилганида изоферментлар нисбатан фаол ишлаши таъминланди ва изозим маркерлари уч қаторда жойлашган (2-расм). Натижада ўсимлик тўқималарида ферментатив фаолликга эга бўлган оксилларнинг миқдори кўп эмас, аммо уларнинг миқдори нормал шароитда содир бўладиган алмашинув реакцияларига қараганда бир неча марта ортиқ хажмдаги реакцияларни таъмин этади. Ушбу ўсимлик биотиплари, назоратга нисбатан қимматли хўжалик белгиларининг сезиларли даражада юқорилиги билан ҳам ажралиб турди ва оксил молекулалари даражасида *in vitro* шароитида МАС технология ижобийлиги ўз исботини топди.

Хулоса ўрнида; узоқ вақт давомида экиб келинаётган хар қандай маданий ўсимлик популяциясида (генотибида) албатта касалликларга толерант ёки иммун системаси кучли тараққий этган чидамли генотипга эга биотиплар албатта учрайди. Буни асосан оксил даражасида изофермент маркерларга асосланган молекуляр нанотехнологияларда қисқа муддатларда скрининг қилиш ва касалликларга нисбатан генетик барқарорлаштириш имконини беради.

ДЎЛАНА МЕВАЛАРИ ТАРКИБИДАГИ ФЛАВОНОИДЛАРНИНГ СИФАТ АНАЛИЗИ

Артикова Р.М., Мурадходжаева З.Б.

Тошкент кимё технология институти
100011, Ўзбекистон, Тошкент шаҳри, навои кўчаси 32
Rartikova61@mail.ru

Дўлана ўсимлиги Ўзбекистонда кенг тарқалган бўлиб унинг мевалари асосида дамламалар, ва препаратлар олинади. Дўлана мевалари бой кимёвий таркиби билан ажралиб туради ва флавоноидлар (гиперозид, кверцитрин, витексин), сапонинлар, стеринлар, дубиль моддалар, фенилпропаноидлар, витаминлар, қандлар ва бошқа моддаларни тутди. Дўлананинг гули ва мевалари асосидаги препаратлар халқ табобатида ва ананавий медицинада кардиотоник модда сифатида кенг қўлланилади.

Фенолли бирикмалар ўсимликларнинг муҳим таркибий қисми ҳисобланади. Инсонлар ва ҳайвонлар ҳужайраларида полифеноллар синтезланмайди, шунинг учун улар ўсимлик озиқалар билан бирга организмга тушиб фойдали таъсир кўрсатади. У ёки бу фенолли бирикмаларнинг мевалар, сабзавотлар, чой ва бошқа ичимликларнинг таркибида бўлиш ҳақидаги маълумотлар “тўғри овқатланиш” нинг асоси эканлигидан дарак беради. Аммо полифенолларга бўлган қизиқиш унинг озиқавий фойдалиги билангина боғлиқ бўлмай, шунингдек, улар асосида янги фаоллиги юқори, антиоксидантлар, шамоллашга қарши, антиконцероген, вирус, паразит, бактерияларга қарши ҳусусиятларга эга доривор препаратлар олиш имконини беради.

Полифенол тутувчи ўсимлик хомашёлари сифат кўрсаткичига, шунинг билан бирга уларни ажратиш ва миқдорини аниқлаш усуллариغا бўлган талаблар кундан кунга ортиб бормоқда. Мазкур ишдан мақсад Ўзбекистон шароитида ўсувчи дўлана мевалари таркибидаги флавоноидларнинг сифат анализи амалга оширишдир.

Тажриба учун дўлананинг спиртдаги (70% этанол) экстрактидан фойдаланилди. Дўлана мевасидан флавоноидларни ажратиш учун майдаланган хомашё колбага солинди ва 70 %ли этил спирти кўшилди. Қайтар совитгичли колбага уланган колба сув ҳаммомида колбадаги спирт қайнаб чиққан вақтдан бошлаб 10 минут давомида қиздирилди. Колба совигандан сўнг қоғоз филтрдан пробиркага ўтказилади. Ажратилган экстракт сифат реакцияси ва хроматографик изланишлар учун фойдаланилди.

Сувоқ экстрактдаги куруқ моддалар 8-18 % миқдорида бўлади.

Дўлана мевалари таркибида флавоноидлар иштирок этишини сифат реакцияси орқали аниқланди. (Бандюкова, 1965; Максютин, 1968; Шинкаренко, 1977):

- 1 % ли темир хлориднинг (III) сувли эритмасида флавоноидлар кўнғир сарик ранга бўйлади;

10 %ли натрий гидрооксидининг сувли эритмаси флавоноидлар иштирокида сарик рангга киради;

Кўрғошин ацетати эритмасида флавоноидларнинг асосий орто-гидроксил гурухи сарик чўкма ҳосил қилади.

Юқорида келтирилган реакцияларнинг ижобий натижалари дўлана мевалари экстракти намунасида флавоноидлар борлигидан далолат беради.

Темир хлориднинг назорат учун олинган рутин эритмаси билан аралашмасида яшил ранг, дўлана мевалари экстракти билан аралашмасида эса тўқ яшил ранг ҳосил бўлишини кузатиш мумкин.

Дўлана мевалари таркибида флавоноидлар борлигини юпқа катламли хроматография усули ёрдамида 1) сув - сирка кислота - бутанол (2:1:4),

2) аммиак - метанол - хлороформ (0,5:2:8), 3) 30% сирка кислота эритмалари тизимида ҳам кузатилди. Флавоноидларнинг кўриниши учун махсус хромоген реактивлар: аммиак, ишқорнинг спиртдаги эритмаси, алюминий хлор эритмаси ва бошқалардан фойдаланилди. Хроматограммалар реактивлар билан ишлов берилгунигача қадар ва ишлов берилганидан сўнг УБ лампаларида кузатилди. Олинган натижалардан дўлана мевалари таркибида флавоноидлар иштирок этиши аниқланди.

ВЫДЕЛЕНИЕ И ИЗУЧЕНИЕ ФИЗИКО-ХИМИЧЕСКИХ СВОЙСТВ ПЕКТИНА ИЗ ОВОЩНЫХ ОТХОДОВ

Артикова Р.М., Максумходжаева К. С., Матчанова* Д.Ш.

Ташкентский химико технологический институт,
*Ургенчский Государственный университет,
Rartikova61@mail.ru

В настоящее время в ряду актуальных проблем - рациональное использование первичных сырьевых ресурсов, комплексная переработка и безопасная утилизация вторичных сырьевых ресурсов. Для ее решения требуются наращивание производственной базы перерабатывающей отрасли, а также улучшение использования сырья путем разработки и создания новых прогрессивных, энергоресурсосберегающих технологий комплексной переработки ценных вторичных сырьевых ресурсов на основе последних достижений науки и техники.

Проблема увеличения производства высококачественных пектиновых веществ и расширение их ассортимента является частью решения этой проблемы.

Биополимеры полисахаридной структуры - важнейший класс природных соединений, который можно рассматривать в качестве доступного источника практически-значимых органических соединений. Особое место среди растительных полисахаридов занимает пектин, который входит в состав структурных элементов клеточной ткани высших растений и выполняет функции связывающих и упрочняющих компонентов клеточной стенки, а также регулирует водный обмен

Пектиновые вещества – это группа высокомолекулярных полисахаридов, входящих в состав клеточных стенок и межклеточных образований растений совместно с целлюлозой, гемицеллюлозой, лигнином. Наибольшее количество пектиновых веществ находится в плодах и корнеплодах. В промышленности пектин получают из яблочных выжимок, свеклы, корзинок подсолнечника.

Пектин находит широкое применение в различных отраслях народного хозяйства: в консервной и кондитерской промышленности; в химической и фармацевтической промышленности; в сельском хозяйстве. На основе пектина готовятся различные медицинские препараты: кровоостанавливающие, для лечения заболевания желудочно-кишечного тракта.

Целью настоящей работы являлась разработка технологии получения пектинов из различных видов сырья (из отходов моркови и тыквы) на основе комплексного изучения особенностей физико-химических показателей сухого пектина.

Таким образом, нами был выделен из жмыха моркови и тыквы пектиновые вещества с выходом 10,6 и 9,56 % соответственно.

Методом кислотного гидролиза установлен качественный моносахаридных состав ПВ моркови - галактоуроновая кислота и галактоза и арабиноза превалируют, в меньших количествах находится глюкоза, ксилоза и рамноза. Моносахаридных состав ПВ тыквы характеризуется повышенным содержанием галактуроновой кислоты, галактозы и арабинозы, по сравнению с глюкозой, ксилозой и рамнозой, которые находится в меньших количествах.

Выделенные морковные и тыквенные пектины хорошо растворяются в воде и имеют показатель относительной вязкости: 84,84 и 31,9 соответственно.

Данные титрометрических показателей позволили отнести изучаемые ПВ к высокоэтирифицированным (ПВ морковный, ПВ тыквенный).

Данные ИК-спектроскопии позволили установить строение изучаемых ПВ, в которых основную цепь составляет остатки Д-галактуроновой кислоты, соединенных α -1 \rightarrow 4 гликозидными связями.

Таким образом, полученные данные дают возможность рекомендовать использование морковного ПВ и тыквенного ПВ для пищевых целей при изготовлении кондитерских изделий (напитки, мармелад, желе, зефир, хлебо-булочные изделия) и для медицинских целей (адсорбент при отравлении тяжелыми металлами, облучении радионуклидами).

ЭКОЛОГИЧЕСКИ БЕЗОПАСНЫЕ БИОПРЕПАРАТЫ МИКРОБНОГО ПРОИСХОЖДЕНИЯ ДЛЯ УВЕЛИЧЕНИЯ УРОЖАЙНОСТИ И СНИЖЕНИЯ ЗАБОЛЕВАЕМОСТИ СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННЫХ КУЛЬТУР

Ахмедова Захро Рахматовна

Институт микробиологии АН РУз,
г.Ташкент, ул. А.Кадыри-7Б
akhmedovazr@mail.ru.

На основе экологически приуроченных местных штаммов ксилотрофных грибов, актиномицетов, обладающие высокой ферментативной и антибиотической активностью, фитогормон синтезирующей способностью были созданы биологические препараты «Микрозим-1» для повышения урожайности и качества, а также снижение заболеваемости зерно-бобовых культур (пшеницы) и «Микрозим-2» для увеличения урожайности покрытосемянных сельскохозяйственных культур (оголенные и опущенные семена хлопчатника).

Разработана технология использования «Микрозим-1» в предпосевной обработке семян районированных и перспективных сортов пшеницы (Крошка, Чиллаки, Половчанка, Замин-1, Замин-2, Андижон-1, Андижон-2, Ясаул, Краснодар, Коллега, Омад) и «Микрозим-2» - оголенных и опущенных семян хлопчатника (С6524, Бухоро-106, Омад, Наманган-77, Наманган-34, Андижон-35, С4727 и др) в различных регионах Республики и в Республике Каракалпакстан. Получена опытно-производственная партия препаратов на базе ОАО «Андижон биокимё заводи» в большом объеме.

Определена норма расхода препаратов при обработке семян возделываемых культур, а также при поливе. Дополнительная урожайность более 15 сортов пшеницы составляет в среднем 10-12 ц/га, более 8 сортов хлопчатника 4.7-6,5 ц/га. Использование «Микрозим-1» при возделывании других зернобобовых культур (маш, соя, фасоль, кукуруза, ячмень), также «Микрозим-2» при возделывании риса, подсолнечника, овоще -бахчевых культур (чеснок, свекла, огурец, тыква, арбуз, дыня) показали также высокие результаты как по урожайности, так и по снижению степени их заболеваемости.

Биопрепараты «Микрозим-1» и «Микрозим-2» прошли научно-производственные и Государственные испытания в периоды 2006-2011 годах в головных Институтах МСВХ РУз – УзНИИ хлопководства и его филиалах (Наманганский, Ферганский, Андижанский, Сурхандарьинский., Ташкентский

вилоях) в Андижанский НИИ по возделывания зерновых и зернобобовых культур в орошаемых землях и Галларальском, Ферганском, Наманганском филиалах данного института, а также в различных фермерских хозяйствах Республики.

Проведена токсикоологический и экологический анализ биопрепаратов и получены гигиенические сертификаты по их безопасности, разработана ТУ – стандарт организации на обеих препаратов. .

В 2011 и 2016 гг. оба препараты в качестве регуляторов роста и развития растений были включены в список разрешенных препаратов при возделывании сельскохозяйственных культур (свидетельство “Микрозим-1” , № 1 А 367, регистрационный № 5.11.102 и “Микроим-2” свидетельство №1 А 368, регистрационный № 5.11.103).

Имеется лабораторные регламенты, токсикологическое заключение Главного санитарно-гигиенического управления Республики при МЗ РУз и экологическое заключение Комитета экологии и охране окружающей среды Республики.

Норма расхода препаратов, установленной Государственной химической комиссией КМ РУз составляет 30 л/тн семян пшеницы (Микрозим-1) и 30 л/тн для оголенных семян хлопчатника, 35 л/тн семян опущенных видов семян различных сортов хлопчатника, а также биопрепараты были признаны экологически безопасными, высокоэффективными, не обладают токсичностью и кумулятивной активностью.

Обработка опущенных семян препаратом «Микрозим-2» приводит к гидролизу околосемянных целлюлозных волокон, уменьшается время предварительного замачивания водой (8 часов), а также экономится количество воды (почти 50 %) затрачиваемое при замачивании опущенных семян хлопчатника. Обработка семян возделываемых культур с обоим препаратами не требует особых помещений, специальных подходов и не опасен для работающего персонала и окружающей среды. Многолетние опыты по обработки семян хлопчатника показали, что «Микрозим-2» вполне может быть использованы в качестве протравителя, вместо токсичных химических веществ, а также в качестве заменителя минеральных кислот, используемых для оголения семян хлопчатника.

Также, сериями исследований были получены положительные результаты по использованию препаратов в возделывании других сельскохозяйственных культур (сои, чеснока, лука, фасоль, маша, арбузов, дыни, риса, тыквы, огурцов, томатов и др), что позволяет использовать «Микрозим-1» для обработки оголенных семян, «Микрозим-2» для возделывания покрытосемянных культур.

Использование биопрепаратов при поливе заболевших растений и засоренных почв показали также высокие результаты как при увеличении урожайности и снижение заболеваемости, так и при оздоровлении посевных площадей, проявляя пролонгированное действие на следующие посевные сезоны года.

Препараты отечественного производства «Микрозим-1» и «Микрозим-2» являются конкурентоспособными и высоко активными по сравнению с Турецким препаратом -аналогом «Агрозим», удобны при использовании, экологически безопасная. Исключает использованию химических препаратов «Ростбисол», «Витовакс-200 Ф», «Далтелбу», «Дивидент» зарубежных фирм и компаний, а также «Гумат натрия» отечественного производства, нормы расхода, способы, кратность использования, а также цены которых сильно отличаются между созданным нами отечественным препаратом «Микрозим-1» и «Микрозим-2» (Узбекистан-12.000 сум/л) и «Агрозим» (Турция-48.000 сум\л).

Производителей данных и подобных к биопрепаратам «Микрозим-1» и «Микрозим-2» в Республике не имеется.

Полученные результаты по использованию данных препаратов на практике открывают новых возможностей в области сельскохозяйственной биотехнологии позволяющей резко увеличить экономическую эффективность производства не только в Республике, но и в других странах с близкими географическими и почвенно-климатическими условиями. В целом, отечественные биологические препараты «Микрозим-1» и Микрозим-2, приурочены к местным жарким климатическим и жестким почвенным условиям.

ТОШКЕНТ ВИЛОЯТИДА КАРТОШКА М- ВИРУСИНИНГ ТАРҚАЛИШНИ ИФА ЁРДАМИДА АНИҚЛАШ

Ахмадалиев Б.Ж., Файзиев В.Б.

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

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

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

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

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

Олиб борилган тадқиқотларимиздан шу нарса маълум бўлдики, Тошкент вилоятининг Қибрай туманида картошка ўсимлигини М-вируси 20-75%, Паркент туманида 10-60%, Занги-ота туманида эса 10-45% касаллантирганлиги аниқланди. Вируснинг ўртача тарқалиши Қибрай туманида 41,6%, Паркент туманида эса 33,75% Занги-ота туманида эса 35% тарқалгани аниқланди.

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

Адабиётлар рўйхати

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

ГИДРОЛАЗЫ МИЦЕЛИАЛЬНЫХ ГРИБОВ И ПЕРСПЕКТИВЫ ИХ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ ПРОТИВ ФИТОПАТОГЕНОВ

Ахмедова З.Р., Шонахунов Т.Э., Кулонов А.А., Яхяева М.А., Хамраева З.Т.

Институт микробиологии АН РУз,
г.Ташкент, ул. А.Кадыри-7Б,
akhmedovazr@mail.ru.

Процессы заражения растений фитопатогенами начинаются проникновением патогенов благодаря их лизирующим ферментам как на здоровые, так и на ослабленные растения, попавшие в неблагоприятные условия, особенно при голодании, отсутствии макро, микроэлементов, стресс факторы и др. Сапрофитные и паразитные (облигатно-паразитные, условные) микроорганизмы почвы, воды и воздуха оказывают губительное влияние на Поэтому, детальное изучение ферментов гидролитического комплексов мицелиальных и фитопатогенных грибов в сравнительном аспекте, обладающие различной активностью необходима для понимание механизмов обеспечения полноценного роста, регуляции развития сельскохозяйственных растений, увеличивающие их урожайность и сохранность. Следовательно, создание на их основе эффективных экологически безопасных биопрепаратов и биотехнологий является одним из важных и перспективных направлений современной науки и производства.

Поэтому, данная работа посвящена поиск и отбору грибов-активных продуцентов гидролитических ферментов, разлагающие природные полисахариды (целлюлоза, гемицеллюлоза, хитин), конечной целью которого является создание ферментативно активных биопрепаратов микробного происхождения для защиты растений от фитопатогенов.

Для этого использовали более 150 штаммов музейных культур микроскопических грибов, хранившиеся в лабораториях ИМБ АН РУз, относящиеся к родам *Fusarium* (42 культуры), *Aspergillus* (37 культуры), *Penicillium* (51 культуры) и сапрофитные культуры грибов (21 культура), выделенные из больных листьев, стеблей растений.

При твердофазном (ТФС) и глубинном (ГЛС) способах культивирования выяснилось, что исследуемые грибов проявляют гидролитические активности в разной степени на средах, содержащие крабовый хитин (КХТ), хитозан тутового шелкопряда, микрокристаллическую целлюлозу (МКЦ), карбоксиметилцеллюлозы

(КМЦ), древесной, хлопковой целлюлозы и ксилан овса в концентрациях 1,0-5,0 %, внесенный в состав питательной среды в качестве единственного источника углерода.

При ТФК способе из 150 культур грибов по зоны гидролиза полисахаридов были отобраны 78 высокоактивные культуры, далее, путем ГЛСК с использованием 2,0% КХТ и МКЦ, внесенные в состав синтетической среды Чапека в качестве единственного источника углерода и определением количественное содержание ферментов и белков, были отобраны ещё более активные грибы в количестве 28 культур, проявляющие хитиназные, целлюлазные, ксиланазные, протеазные активности. На обеих средах грибы образовали протеазы, проявляющие активности в кислых, нейтральных и щелочных условиях катализа.

.Интересным был тот факт, что на средах с хитином и целлюлозой почти все грибы проявляли протеолитическую активность, особенно высокую на среде хитином и хитозаном. На среде с целлюлозой грибы проявляли высокие активности щелочной (рН-7,2) и сильно щелочной протеазы (рН-9,0).

Далее, были углублены исследования по оптимизации состава питательной среды и условий максимального ферментообразование с использованием от отобранных 9 культур из числа 28, такие как *Aspergillus terreus* 461, *A. terreus* 499 и *Penicillium* sp. 18, *Penicillium* sp. 140, *Alternaria* sp. 9, *Ulocladium* sp. 134, *Fusarium solani* 169 и *Fusarium moniliforme* -183. *Penicillium purpurogenum* -159.

Установлено, что грибы фитопатогены *Alternaria* sp. 9, *Ulocladium* sp. 134, *Fusarium solani* 169 и *Fusarium moniliforme* -183. наряду с испытываемыми грибами в аналогичных условиях культивирования имеют высокие гидролизирующие активности в отношении целлюлозы, хитина, ксилана, являющиеся составным компонентом клеточной стенки растений и фитопатогенных грибов. . .

Далее, проводили эксперименты для оценки действия смеси гидролитических ферментных жидкостей (ГФЖ) грибов на фитопатогены. Установлено, что ГФЖ отобранных грибов обладали способностью подавлять рост и развитие широко распространенных в Республике фитопатогенов: *Rhizoctonia solani*, *Fusarium oxysporum*, *Fusarium solani*, *Verticillium dahlia*, образуя зоны подавления в размерах от 20 до 24 мм в диаметре.

Установлено, что грибы фитопатогены наряду с другими почвенными грибами, сапрофитами проявляют высокие лизирующие активности в отношении трудногидролизуемого природного полисахарида – целлюлозы, аминополисахарида – хитин и хитозан, а также гемицеллюлозы, являющиеся составным компонентом клеточной стенки растений, множества грибов и насекомых. Данные результаты позволяют понять механизмы поражения растений фитопатогенами и регулировать процессы их взаимодействия, а также в создании биопрепаратов в борьбе с вредителями растений.

Полученные результаты показывают, что местные штаммы почвенных и сапрофитных грибов, широко распространенные в различных экологических нишах Республики обладают активностями гидролитических ферментов в зависимости от рода, вида, состава питательной среды, времени и условий культивирования.

Таким образом, сериями экспериментов по определению активностей целлюлазы (эндоглюканаза, целлобиогидролаза, авицелаза), хитиназы и ксиланазы на полисахаридсодержащих средах были отобраны активные почвенные грибы – потенциальные источники литических ферментов, из которых можно получить препараты гидролитических ферментов для практики.

МИКРОМИЦЕТЫ ПОЧВ СЛАБОГО ПЕСТИЦИДНОГО ЗАГРЯЗНЕНИЯ

Бахтиерова М.С., Ташпулатов Ж.Ж., Куканова С.И., Зайнитдинова Л.И.

Институт микробиологии АН РУз

г.Ташкент, ул. А.Кадыри-7Б

b.munira1983@bk.ru

Почва является универсальным биологическим адсорбентом и нейтрализатором разнообразных органических соединений, в которой существуют различные виды микроорганизмов, в том числе бактерии, грибы и актиномицеты. Известно, что микрофлора способна восстанавливать свойства почвенного слоя после попадания в него органических видов пестицидов. Большинство микроорганизмов почве с большей или меньшей скоростью разлагают органические пестициды, во многих случаях разложение начинается не сразу, а через некоторое время, необходимое для приспособления микроорганизмов к разрушению данного химического соединения.

В связи с этим, проведены исследования по выявлению микромицетов в почвах слабого пестицидного загрязнения, а также изменению их морфологических свойств под действием пестицидов. Из почв слабого пестицидного загрязнения Ферганской долины выделено 13 штаммов микроскопических грибов из которых доминировали представители родов *Aspergillus*, *Penicillium*. Среди микроскопических грибов максимальная устойчивость по отношению к изучаемому пестициду выявлена у *Alternaria* sp.4. Известно, что наличие в среде таких поллютантов, как хлорорганические пестициды, оказывает влияние на морфобиологические и кинетические показатели исследуемых деструкторов. Сравнительный анализ ростовой активности показал, что изучаемый штамм характеризуется быстрорастущими колониями, но при росте на среде с содержанием пестицидов, таких как хлорпирифос и циперметрин, у *Alternaria* sp.4 радиальная скорость уменьшается почти в 5 раз, по сравнению с исходным штаммом. Наблюдалось изменение и других показателей, таких как цвет и форма колоний, а также изменяется размер и форма конидий. Присутствие смеси пестицидов хлорпирифос+циперметрин в среде в некоторой степени угнетает также биосинтетическую активность. Однако, наблюдаемый на 14 сутки пик активности по белку и органическим кислотам определенно свидетельствует о том, что рост микромицетов идет за счет использования пестицидов в качестве единственного источника питания.

Таким образом, показано, что, несмотря на наличие в почве определенных концентраций пестицидов, микроскопические грибы представлены достаточно большим видовым разнообразием. Установлено, что изученный активный штамм *Alternaria* sp. 4 обладает не только определенной устойчивостью по отношению к пестицидам, но и способен их утилизировать в качестве источника питания. Это свидетельствует о возможности применения этого и других активных штаммов в разработке биотехнологий восстановления естественного почвенного баланса.

УЗУМ ТАРКИБИДАГИ ФЕНОЛЛИ МОДДАЛАРНИ АЖРАТИШНИНГ ОПТИМАЛ ШАРОИТИНИ ЎРГАНИШ

¹Вохидова Н.Б. ¹Артикова Р.М., ²Матчонова Д.Ш.

1 100011, Узбекистан, город Ташкент, ул Навои 32.

2 Ургенчский Государственный университет

Rartikova61@mail.ru

Хозирги вақтда инсон организмига атроф мухитнинг кўпгина омиллари салбий таъсир кўрсатади. Бундай шароитда инсон стресс ҳис қилади, унинг хужайралари оксидланади, қарийди, бўлинишдан тўхтади, халок бўлади натижада инсонни касалликга ва бевақт ўлимига олиб келади. Бунинг сабаби бизнинг озиқланишимизда биологик фаол моддаларнинг етишмаслигидир, бу моддалар бизнинг хужайраларимизга бу хавфли омилларни енгишига ёрдам берган бўлар эди. Шунинг учун иложи борича эртaroқ ҳулоса чиқариб, патологик жараёнларни тўхтатиш чораларини кўриш лозим. Бундай муаммони хал қилишда таркибида турли хил антиоксидантлар тутувчи ўсимликлар ёрдамга келади. Антиоксидантлар — органик бирикмаларнинг оксидланишини секинлаштирувчи ёки тўхтатувчи моддалардир. Улар эркин радикалларнинг ноўя таъсиридан организмни химоя қилади.

Ўсимлик препаратлари таркибидаги таъсир кўрсатувчи моддалар табиий бирикмаларнинг бир ёки бир нечта бирикмалари бўлиб уларга: терпеноидлар, стероидлар, алкалоидлар, каротиноидлар, флавоноидлар киради. Биологик фаол моддалар, айниқса полифеноллар манбаларидан бири узум мевалари ҳисобланади. Узумнинг таркиби антиоксидантларга ниҳоятда бой. Улардан бири флавоноидлардир. Узум мевалари таркибида флавоноидлардан ташқари инсон соғлиғи учун зарур бўлган қанд (глюкоза ва фруктоза), ферментлар, витаминлар, микроэлементлар, органик кислоталар, азотли, фенолли ва бошқа моддалар мавжуд. Узум инсонларга жуда қадимлардан маълум. У ўзининг кимёвий таркибига кўра кенг қўлланиладиган ўсимликдир.

Ўзбекистон шароитида етиштирилаётган узум меваларидан биологик фаол экстрактлар олиш самарадорлигига учун қуйидаги параметрларнинг таъсири ўрганилди.

- экстракция давомийлиги;
- экстракция харорати;
- экстрагент тури;

Биологик фаол моддаларнинг ажралиши самарадорлиги экстрактдаги фенолли моддалар миқдорини галл кислоталар миқдorigа қайта ҳисоблаш орқали топилди.

Экстракция жараёни технологик асосланган давомийлигини аниқлаш учун хона хароратида турли вақтлар давомида экстракция амалга оширилди. Экстрактлар таркибидаги фенолли моддалар миқдори аниқланди. Олинган натижалар бўйича экстракциянинг самарали давомийлиги узум қобиғи учун 0,5 соат, данаги учун 2 соат, бутун мевалари учун 3 соатни ташкил этди.

Экстракция учун оптимал хароратни аниқлаш 30°C, 40°C, 50°C ва 60°C хароратда амалга оширилди. Биологик фаол моддалар ажралишининг энг оптимал харорати экстракт таркибидаги фенолли моддалар миқдorigа қараб назорат қилинганда хом ашёнинг барча турлари учун 60°C деб топилди. Адабиётлардан

олинган маълумотларга кўра хароратнинг бундан юқори бўлиши полифеноллар ва витаминларнинг парчаланишига олиб келади.

Узум таркибидаги биологик фаол моддаларнинг ажралишига экстрагентларнинг таъсири ҳам ўрганилди. Бунинг учун экстраген сифатида сув, этанол, глицериннинг 30%, 50%, 70% ли концентрациядаги эритмалари олинди. . Олинган экстрактлар унинг таркибидаги фенолли моддалар миқдорига қараб текширилди. Ўтказилган изланишлар давомида узум пўсти учун 70% ли этанол, данаги учун сув ва бутун меваси учун 40 % ли этанол ва 70% ли глицериннинг сувдаги эритмасида экстракциянинг максимал даражасига эришиш мумкин эканлиги аниқланди.

HALOPHYTIC BIOMASS FOR BIOGAS PRODUCTION

Jabborkhnova Nodirakhon

National University of Uzbekistan named after Mirzo Ulugbek

100174, Tashkent, Vuzgorodok

nodira_1710@mail.ru

Search and effective use of alternative renewable energy sources is an urgent task of modernity and it has important scientific and applied value. The use of different types of unusable (inedible) plant biomass such as halophytic plants as renewable raw materials for energy generation seems very promising from an economic, technical and environmental points of view. Halophytes are flowering plants which are naturally found in saline habitats such as coastal swamps, coastal dunes, inland salt flats, playas and lands ruined by mal-agricultural practices. A number of these highly salt tolerant plants have several economic utilities and could be cultivated as food, fodder/forage, and medicinal crops on saline lands with the help of salty water irrigation (Abdul Hameed and M. Ajmal Khan, 2011). Halophytes can be also a highly valuable source of fuels such as bioethanol, biodiesel and fuelwood. Globally, nearly 1.3 billion people live without access to electricity, and 2.6 billion lack clean cooking facilities, mostly in the developing countries of Asia and Africa (International Energy Agency, 2012). There are a number of annual and perennial species among halophytes that are able to uptake significant amounts of salts in biomass and remove them from saline soils. Thus, cultivation and sustainable utilization of wild or domesticated halophytic plants could play an important role for salinity control, melioration of saline lands and improvement of livelihoods of rural communities in Central Asian region. In addition, they may be useful as sources of renewable energy (Akinshina et al., 2014). One of the worst cases of salinization is in the Aral Sea Basin in central Asia (Uzbekistan, Kazakhstan, Kyrgyz Republic, Tajikistan, and Turkmenistan) (Kijne, 2005; Qadir et al., 2009), where up to 50% of the irrigated area is affected by salinity and/or water logging; thousands of square kilometres of irrigated land were degraded when virgin lands were converted into irrigated agricultural land (Qadir et al., 2009). Only halohpytes have evolved a number of strategies to survive and reproduce under highly saline conditions where most plants cannot. Therefore, the aim of this work is to study the technological features of anaerobic biodegradation of halophytic biomass containing elevated concentrations of mineral components for the production of biogas.

ПОИСК И ВЫДЕЛЕНИЕ МИКРООРГАНИЗМОВ СПОСОБНЫХ СИНТЕЗИРОВАТЬ НАНОЧАСТИЦЫ

Зайнитдинова Л.И., Куканова С.И., Ташпулатов Ж.Ж.

Институт микробиологии АН РУз
100128, Узбекистан, Ташкент, ул.А.Кадыри, 76
zajn-lyudmila@yandex.ru

Существующие технологии синтеза наночастиц в подавляющем большинстве основаны на физических и физико-химических методах обработки исходных материалов. Отрицательная сторона использования этих методов – высокая стоимость и использование опасных химических веществ, что ограничивает их применение, например, в клинической области. Интенсивный поиск новых способов синтеза наночастиц в настоящее время обусловлен уникальными физическими характеристиками, присущими им, а, также, широким спектром их возможного применения. Преимущества микроорганизмов, как потенциальных источников получения наночастиц, заключаются в возможности управляемого наращивания их биомассы, а также получения нанокристаллитов с заданными свойствами. Кроме того, для решения большинства задач необходимо иметь частицы с одинаковыми размерами. Полученные биологическими методами частицы стабильны в течение нескольких месяцев, а созданные химическим путем наночастицы склонны к более быстрой агрегации. При биосинтезе наночастиц микроорганизмами используются природные реагенты, что делает производство безопасным для окружающей среды и человека.

Особо важна разработка экологически чистых методов синтеза наночастиц серебра. Наночастицы серебра обладают антимикробной активностью к ряду бактерий, устойчивых к действию антибиотиков, а также обладают противогрибковой активностью. В связи с этим, нами проведен поиск и выделение микроорганизмов, обладающих способностью синтезировать наночастицы серебра. С этой целью проскринированы микроорганизмы, выделенные из образцов почв, загрязненных металлами, а также из активного ила водоочистных сооружений. Получено 5 культур микроорганизмов, восстанавливающих ионы серебра с образованием металлических частиц (2 штамма р. *Bacillus*, 2 штамма р. *Pseudomonas* и 1 штамм *Arthrobacter*). Данные микроорганизмы обладают высокой устойчивостью к действию загрязнителей и металлов. Выбор объектов исследования обусловлен способностью выживания в условиях высоких концентраций серебра за счет образования защитных полисахаридных капсул. Изучена возможность биосинтеза наночастиц серебра отобранными микроорганизмами. Показано, что из всех изученных культур 2 штамма (*Bacillus* sp.1, и *Pseudomonas* sp.2) проявили способность к формированию наночастиц. Оптимальное время контакта клеток с ионами серебра составляло 48 ч.

МОЛЕКУЛЯР ТАДҚИҚОТЛАР УЧУН TRICHODERMA ЗАМБУРУҒ ШТАММЛАРИНИ ДАСТЛАБКИ ТАНЛАШ

¹Зупарова Д.М., ²Аблазова М.М., ¹Тураев О.С.,
¹Кушанов Ф.Н., ¹Абдурахмонов И.Ю.

¹ ЎЗР ФА, Геномика ва биоинформатика маркази
111215, Ўзбекистон, Тошкент вил., Қибрай тум., Университет кўч., 2-уй.

² ЎЗР Қ ва СХВ Тошкент Давлат Аграр университети
d.zuparova@mail.ru

Қишлоқ хўжалик экинларининг касалликларига қарши биологик кураш чораси сифатида қўлланиладиган антагонист замбуруғлар орасида *Trichoderma* (Pers.) Harz. туркумига мансуб замбуруғ турлари ўзига хос ўрин тутади. Айниқса, илдиз чириш ва сўлиш каби касалликларни қўзғатувчи тупроқ фитопатогенларига қарши қўллашда уларнинг аҳамияти беқиёс ҳисобланади. Триходерма замбуруғи, унинг физиологик, морфологик, генетик ва биокимёвий жиҳатлари дунё миқёсида кенг ўрганилганлиги туфайли улар асосида кўплаб фойдали биопрепаратлар ишлаб чиқарилган. Триходерма замбуруғининг фитопатогенларга нисбатан антагонистик таъсир даражаси унинг штаммларига боғлиқ ҳолда турличадир.

Тадқиқотимизнинг асосий мақсади Ўзбекистон шароитидаги тупроқлардан олинган триходерма замбуруғи штаммларини молекуляр жиҳатдан ўрганишдан иборат.

Тадқиқотимизда Тошкент давлат аграр университети “Ботаника ва агробиотехнология” кафедрасининг фитопатоген микроорганизмлар коллекциясидан олинган триходерма замбуруғининг бир қанча штаммларидан фойдаланилди. Мазкур замбуруғ турларида молекуляр тадқиқотлар учун уларда дастлабки танлаш ишлари амалга оширилди.

Триходерма замбуруғининг 19 та штаммлари орасидан гўзада фузариоз ва вертициллёз сўлиш касалликларини қўзғатувчилари *Fusarium oxysporum* f. sp. *vasinfectum* ҳамда *Verticillium dahliae* Kleb. замбуруғ турларига нисбатан антагонистик фаолликка эга штаммларини ажратиш учун тажрибалар ўтказилди. Тажрибада триходерма замбуруғининг штаммлари 7 сутка давомида суюқ суслу озуқа муҳитида 24-26⁰ С ҳароратли термостатда ўстириб олинди. Ўсиб чиққан замбуруғ намуналари, уларнинг антагонистик хусусиятларини баҳолаш мақсадида фитопатоген замбуруғларга нисбатан синаб кўрилди.

Назорат намуналари сифатида олинган фитопатоген замбуруғлар Петри ликобчаларидаги қаттиқ суслу озуқа муҳитига экилди ҳамда, триходерма замбуруғининг штаммлари ўстирилган суюқ озуқа муҳитларига ботириб олинган филтер қоғоз дисклари уларнинг юза қисмига териб чиқилди. Намуналар 24-26⁰ С ҳароратли термостатда ўстирилди.

Петри ликобчаларидаги микроорганизмлар учинчи кундан бошлаб кузатилди. Филтер қоғоз дисклари атрофида фитопатоген замбуруғларнинг ўсиш зоналарини тўхтатган триходерма замбуруғи штаммлари ажратиш олинди.

Антагонистик хусусиятлари синалган триходерма штаммларининг 17 таси назорат намуналарида нисбатан фаол эканлиги аниқланди. Шундан 14 таси ҳар икки фитопатоген замбуруғларга нисбатан антагонистик хусусиятларини намоён қилди. Аниқланган 14 та штаммлар орасидан энг юқори фаолликни намоён этган 3 та штамм келгуси тадқиқотлар учун танлаб олинди.

Келгуси тадқиқотларда танланган триходерма замбуруғининг фаол штаммлари устида молекуляр тадқиқотлар олиб бориш ва уларнинг антагонистик хусусиятларини генетик жиҳатдан баҳолаш кўзда тутилган.

ЗАЙТУН (*OLEA EUROPAEA*)ЎСИМЛИГИНИ *in vitro* УСУЛИДА КЎПАЙТИРИШ ТЕХНОЛОГИЯСИ.

Исломов А.Б, Убайдуллаева Х.А., Д.Ёрматова, Буриев З.Т., Абдурахмонов И.Ю.

ЎЗР ФА, Геномика ва биоинформатика маркази
111215, Ўзбекистон, Тошкент вил., Қибрай тум., Университет кўч., 2-уй.
a.islomov@genomics.uz

Республика аҳолисининг кўпайиб бориши, кишлок хўжалик мутахассислари олдига озиқ-овқат маҳсулотларини кўплаб етиштиришни таққоза қилмоқда. Инсоният учун энг зарур маҳсулотлардан бири ўсимлик мойидир, чунки бир кунда 2-3 марта ўсимлик мойидан фойдаланишга тўғри келади.

Ҳозиргача юртимизда экилиб келинаётган анъанавий мойли экинлар асосан бир йиллик ўтсимон кузда, эрта баҳорда ёки такрорий экин сифатида экиб келинади. Улардан ҳеч бири 2-3 йил узлуксиз мой берувчи ўсимлик ҳисобланмайди. Ҳозирда жаҳонда узок вақт камида 1000 йиллар мабойнида ҳосил берувчи ўсимликлардан бири бу Зайтун ҳисобланади.

Зайтун (*Olea europaea*), мойли ўсимликлар гуруҳи зайтундошлар оиласига мансуб кўп йиллик ўсимлик, ҳозир Сурия, Исроил ва Корсика мамлакатларида 2000 йилдан зиёд умр кўрган дарахтлари мавжуд. Мўътадил иқлимли мамлакатларда узок яшайди.

Зайтун мойи 80% тўйинмаган ёғ кислоталари – олеин (75%), линол (13%) ва линолендан (0,55%) ташкил топган бўлиб, бу моддалар организмда холестерин даражасини камайтиради. Зайтун мойи таркибида витаминлар А, Д, К, Е, F ва полифеноллар мавжуд. Бу моддалар атеросклероз, саратон(рак) касалликларини камайтиради ва хужайраларнинг қариш жараёнини кечиктириб тери қаватини тиклайди. Зайтун мевасида 25дан 80%гача мой, баргларида 0,04% эфир мойлари бўлади. Зайтун мойи ичаклар, ошқозон ости беши ва жигар ишини яхшилайти хамда ўт ҳалтасида тошлар пайдо бўлишига тўсқинлик қилади. Кальцийнинг шиддат билан сўрилиши суякларнинг ўсишини кучайтиради, қон босимини яхшилайти, кўкрак безлари, тухумдонлар ва йўғон ичак саратони каби касалликларга қарши восита сифатида фойдаланилади. Бу ўсимлик мевасини радиацияга қарши профилактик восита сифатида астронавтарнинг овқат рационига киритилган. Зайтун ўсимлиги энг сердаромад экин туридир. Зайтун экилганда бир гектарда 360-400 туп дарахт бўлиб ҳар туп дарахтдан ўртача 50-70 кг, жами гектара ҳисобига 2400-2800 кг мева олинади, ушбу ҳосилдан 1500-1600 кг мой олинади..

Зайтун ўсимлигини Ватани Ўрта Ер денгизи мамлакатлари, аниқроғи Сирия бўлиб, шу ердан бутун ер юзи бўйлаб тарқалган. Зайтун Испания, Италия, Португалия, Греция, Тунис, Марокко, Сурия, Исроилда катта майдонларга экилади, қисман Грузия ва Озарбайжонда хам етиштирилади. Ўрта Осиёда, Туркменистонда 1938-1940 йилларда зайтунзорлар ташкил этилган, аммо иқлимга мослашаолмаганлиги туфайли йўқолиб кетган. Ҳозирги кунда энг кўп зайтун

экиладиган мамлакатларга Греция, Италия, Испания, Палестин, Туркия, Мексика, Австралия ва бошқалар ҳисобланади.

Ўзбекистонда зайтун етиштириш технологияси олимларимиз томонидан ишлаб чиқилиб, Зайтун ўсимлиги Ўзбекистонда ҳам бошқа иссиқ мамлакатлардаги сингари етарлича фойдали ҳароратни олиши мумкинлиги кузатилди.

Бизнинг марказда ҳам соҳа ривожига ўз ҳиссамизни қўшиш ва ривожлантириш мақсадида, истиқболли, саноат ва тиббиёт учун қимматбаҳо ўсимлик - Зайтун(*Olea europaea*) дарахти кўчатларини кўп миқдорларда ва қисқа муддатларда *in vitro* усулида микроклонал кўпайтириш орқали импорт ўрнини боса оладиган, тупроқ шароитларига талабчан бўлмаган, энг асосийси турли вируслардан холи бўлган (стерилланган) истиқболли ўсимлик сифатида кўпайтириш технологиясини ишлаб чиқдик.

Зайтун дарахти кўчатлари Ўзбекистон Давлат Жаҳон тиллари университети Табиий фанлар кафедраси мудираси биология фанлари доктори, профессор Дилором Ёрматова ва Андижон вилояти Халқаро Бобур жамғармасидан олиб келинди ва улардан стерил ҳолатда 1000 дан зиёд меристема тўқималари кесиби олинди. Лаборатория шароитида тўқималарнинг илдиз отиши ҳамда шохланишини таъминлаш мақсадида улар махсус озуқа муҳитлари билан тўлдирилган 100 дан зиёд идишларга экилди.

Экилган қаламчаларнинг ривожланиш жараёни устидан доимий назорат ўрнатилган бўлиб, инфекция тушган ва замбуруғлар билан зарарланган қаламчалар ўз вақтида аниқланиб, тозалангандан сўнг янги озуқа муҳитларига қайта экилади. Шохлаган қаламчалардан доимий равишда меристема тўқималари кесиби олинади ва кўпайтириш учун экилади. Илдизлари ривожланиб кўчиришга тайёр бўлган қаламчалар ноёб объект фитотронда ўстириш учун аввалдан тайёрланган субстратга ўтказилади.

Қаламчаларни илдизлатиш билан биргаликда уларни шохлатиб, кўпайтиришни жадаллаштиришга ҳам катта эътибор қаратилган бўлиб, бу борада лабораторияда озуқа муҳитларини янада оптималлаштириш устида тинимсиз изланишлар олиб борилмоқда.

Ҳулоса қилиб айтганда, ушбу технология ёрдамида мевали, манзарали ва гулли ўсимликларнинг кўчатларини етиштириш учун кетадиган вақтни қисқартириш, вируслардан холи бўлган буткул соғлом кўчатлар етиштириш ва асосийси уларни миллионлаб нусхаларда етиштириш имкониятлари очилади.

***PHYSALIS ALKEKENGII* ЎСИМЛИГИ ВИРУСИНИ
ГЕЛЬФИЛЬТРАЦИЯ УСУЛИДА ТОЗАЛАШ
Кадирова З.А.**

Национальный университет Узбекистана имени Мирзо Улугбека,
100174, Узбекистан, г. Ташкент, ул. Университетская, 4
divya_shakti@hotmail.com

Физиологик фаол моддалар, алкалоидлар, витаминлар, каротиноидларга бой, шифобахш ўсимликлардан бири *Solanaceae-тузумдошлар* оиласи вакили *Physalis alkekengi* ҳисобланади. Ушбу ўсимлик тиббиётда турли касалликларни даволашда, жумладан, ошқозон - ичак хасталиклариди, жигар, ўт қоғи, буйрак ва камқонлик

касалликларини даволашда, турли оғрикларни қолдирувчи, қон тўхтатувчи восита сифатида кенг қўлланилади. Фармацевтика саноатида ҳам ушбу ўсимликдан кенг фойдаланилиб, турли суртма дори препаратлари ишлаб чиқарилади.

Ph. alkekengi ўсимлиги вирусини ажратиб олиш учун вирус тўпловчи индикатор ўсимлик - *N. Tabacum Samsun* навидан фойдаланилди ва вирусни ушбу ўсимликда кўпайтирилди. Вирусни ажратиш ва тозалашда хроматографик усуллардан фойдаланилди. Бунинг учун вирусли ўсимлик баргидан 200 голиб, 0,1М, рН 7,5 фосфат буферидан 1:1 нисбатда солинди ва механик тарзда майдаланди. Сўнгра ушбу массани филтрдан ўтказилди. Ажратилган вирусли ширани 6000 айл/тез. 20 дақиқа центрифуга қилинди ва чўкма усти суюқлигини ажратиб олинди. Вирусли ширани хлоропласт, оксил, пигментлар ва бошқа компонентлардан тозалаш учун, унга 8:1 нисбатда хлороформ солиб, 20 дақиқа давомида чайқатгичда аралаштирилди. Кейинэса, яна қайтадан 6000 айл/тез. 20 дақиқа давомида центрифуга қилинди. Центрифугадан сўнг, гомогенатдаги вирусни концентрлаш учун унга 25% аммоний сульфат эритмасидан солинди ва ушбу гомогенатни 1 соат давомида 4°С ҳароратда инкубация қилинди. Инкубациядан сўнг 7000 айл/тез. 20 дақиқа центрифуга қилиб, чўкмани ажратиб олинди. Ажратиб олинган чўкмага 0,1М фосфат буферидан (рН 7,5) қўшиб, бир неча бор 6000 айл/тезликда центрифуга қилинди ва чўкма усти суюқлигини ажратиб олинди.

Кейинги босқичда вирусни янада тозалаш учун гелъфилтрация усулидан фойдаланилди. Бунинг учун 3% ли агар гранулаларини 2,5x100см колонкага жойлаштирилди ва вирусли гомогенатни колонкага солинди. Ушбу жараёнда солинган гомогенат бир неча фракцияларга ажратилди. Спектрофотометрик текширишлар шуни кўрсатдики, вируслар асосан 8-14 фракцияларда мавжудлиги, қолган фракцияларда эса бошқа хилдаги фаол моддалар борлиги аниқланди.

Шундай қилиб, вирус билан касалланган *Physalis alkekengi* ўсимлигидан вирус препаратини гелъфилтрация усулида тозалаб ажратиб олинди.

МИКРОФЛОРА СЫРЬЯ КОНСЕРВНОЙ ПРОМЫШЛЕННОСТИ

Кадирова З.

Национальный университет Узбекистана имени Мирзо Улугбека,
100174, Узбекистан, г. Ташкент, ул. Университетская, 4
divya_shakti@hotmail.com

Дрожжевая флора плодов и ягод очень богата и разнообразна. Естественным местообитанием дрожжей является поверхность плодов и ягод, сок, поверхность листьев, нектар, вода, почва и т.д.

Нами изучен количественный и видовой состав микрофлоры плодово-ягодных соков. Для этого обследовали соки следующих плодов и ягод: яблока, винограда, абрикос, персика, гранат, сливы, груши, апельсина и др. Предварительное изучение эпифитной микрофлоры этих плодов показало преобладание видов дрожжей *Hanseniaspora apiculata* и представителей рода *Torulopsis*. На протяжении всего периода созревания винограда обнаружены *Hansenula anomala* и *Debaryomyces globosus*. В относительно небольшом количестве выявлены клетки пленочных форм *Candida* sp. и *Pichia alcoholophilila*; дрожжи рода *Saccharomyces* на плодах и ягодах встречались редко.

Видовой состав дрожжей эпифитной микрофлоры яблок оказался разнообразнее. Наряду с аспорогенными формами в большом количестве выявлены спорообразующие: *Debaryomyces hansenii*, *D. Kloeckeri*, *D. Rosei*, *D. Guilliermondii*, *Hansenula anomala*, *Hanseniaspora apiculata*. Постоянными обитателями поверхности яблок, отобранных в производстве и взятых с насаждений, были *Candida pulcherrima*. В свежееотжатом соке преобладали *Hanseniaspora apiculata*, *Saccharomyces vini* и *Candida krusei*.

В свежееотжатых грушевых соках обнаружены представители различных систематических групп дрожжей, в первую очередь рода *Saccharomyces*. Некоторые виды этого рода значительно развиты в персиковых соках. В персиковых, вишневых и, особенно, айвовых соках в большом количестве присутствовали пленчатые дрожжи *Candida*. В микрофлоре сливового сока преобладают спорогенные и аспорогенные дрожжевые микроорганизмы. В составе микрофлоры сливового сока доминируют *Saccharomyces vini*, *Torulopsis utilis*. В составе микрофлоры абрикосового сока выявлены дрожжи *Saccharomyces vini* и *Candida krusei*.

С целью предотвращения размножения вышеуказанных видов дрожжевых организмов в готовой продукции необходимо применение в процессе промышленной переработки ягод и плодов антисептических веществ, в частности сорбиновой кислоты.

НЕКОТОРЫЕ СВОЙСТВА МЕСТНЫХ ШТАММОВ ДИАЗОТРОФОВ

Кадырова Г.Х., Шакиров З.С., Сафаров И.В., Хамдамова Н.А.,
Абдуллаев А.К.

Институт микробиологии, Академии Наук Республики
kadirovagul@mail.ru

Дiazотрофы - микроорганизмы, способные усваивать молекулярный азот атмосферы и переводить его в доступную для растений форму. Многие сельскохозяйственные растения решают проблему нехватки азота, вступая в симбиотические отношения с diaзотрофами. Некоторые бактерии предпочитают обитать в прикорневой зоне, создавая ассоциативные связи с корнями, например азоспириллы. Есть свободноживущие азотфиксаторы, например азотобактер и цианобактерии, которые обогащают почву доступным для растений азотом. Например, на рисовых полях свободноживущие цианобактерии фиксируют 30–50 кг молекулярного азота на 1 га в год.

Целью данного исследования являлось изучение антагонистических и ассоциативных свойств местных штаммов diaзотрофов для применения биопрепарата на их основе в рисоводстве Республики.

Существующие методы исследования антагонизма в условиях межмикробных отношений основаны на принципе сокультивирования взаимодействующих бактерий. Известно, что бактериальная продукция различных антимикробных веществ подвержена микробной регуляцией и определяет взаимодействие между микроорганизмами в ассоциациях, способствуя стимуляции бактериального антагонизма. К сожалению, антагонистические свойства бактерий при межмикробных отношениях, в частности, в микросимбиозе, между

доминантными и ассоциативными микроорганизмами, недостаточно охарактеризованы.

Исходя из вышесказанного, нами были изучены антагонистические свойства местных штаммов diaзотрофов. Для исследований отобраны активные азотфиксирующие и фитогормонпродуцирующие местные штаммы diaзотрофов: *Nostoc calcicola* 25, *N.muscorum* 14, *Anabaena variabilis* 21, *Azospirillum brasilense* A13-5, *A. brasilense* A13-8, *A. brasilense* A4-1, *Azotobacter* sp.17, *A.chroococcum* 44, *A.chroococcum* 18. Было выявлено, что изученные штаммы рода *Azospirillum* и *Azotobacter* не оказывали антагонистическую активность на рост и развитие тест культур цианобактерий *N.calcicola* 25, *N.muscorum* 14 и *N. linckia* 4 в течение 2-3 сут культивирования. В случае *A.chroococcum* 44 выявлено незначительное стимулирующее действие на рост тест культуры цианобактерий *N.calcicola* 25. Вероятно, данная культура выделяет в среду комплекс веществ, и данные метаболиты стимулирует рост и развитие цианобактерий.

Также нами были изучены ассоциативные свойства ассоциации местных штаммов diaзотрофов. В лабораторных условиях ассоциацию diaзотрофов (*A.brasilense* A13-5, *N.calcicola* 25, *A.chroococcum* 44) культивировали в течение 3 сут. Слдует отметить, что титр клеток в начале эксперимента составлял 10⁴ кл/мл. В конце эксперимента изучали рост и развитие культур diaзотрофов в ассоциации. Так, титр клеток diaзотрофов *A.brasilense* A13-5, *N.calcicola* 25 и *A.chroococcum* 44 в ассоциации составлял: 2,3x10⁸ кл/мл; 3,2x10⁷ кл/мл и 1,8x10⁷ кл/мл, соответственно. В природных условиях diaзотрофы развиваются и фиксируют молекулярный азот атмосферы в ассоциациях с сопутствующей их микрофлорой, которая обитает в их слизистых образованиях.

Таким образом, на основе взаимной стимуляции антагонистических и ассоциативных свойств изученных микроорганизмов предложена новая комбинация diaзотрофных бактерий рода *Azospirillum*, *Azotobacter* и *Nostoc* для применения в сельскохозяйственной практике, в частности в рисоводстве Республики.

ПОДБОР ОПТИМАЛЬНЫХ ИСТОЧНИКОВ УГЛЕРОДА НА СИНТЕЗ ФИТОГАРМОНОВ РИЗОСФЕНЫМИ МИКРОМИЦЕТАМИ

Камолова Х.Ф., Тўраева Б.И., Зухритдинова Н.Ю., Файзиев В.Б.

Национальный университет Узбекистана имени Мирзо Улугбека
и институт Микробиологии АН РУз,
100174, Узбекистан, г. Тошкент, ВУЗ городок
fvaxid@mail.ru

Возможности, связанные с применением регуляторов роста микробного происхождения в настоящее время очень велики. Под действием регуляторов роста происходят как видимые эффекты, так и более тонкие изменения в метаболизме, которые воздействуют на качественные и количественные изменения показателей получаемой продукции.

Одним из важнейших вопросов в исследовании микроорганизмов является изучение оптимальных условий их культивирования. Известно, что для каждой культуры микроорганизмов, выделенной из почвы, приходится подбирать среды для максимального синтеза физиологически активных соединений, в частности,

ростстимулирующих веществ. Для роста грибов, а также биосинтеза ими биологически активных веществ большое значение имеют источники углерода и азота в среде и их количественное соотношение. Изменяя соотношение основных компонентов питательной среды, можно направленно регулировать образование БАВ. Проведены исследования по оптимизации условий культивирования и подбора источников углеродного питания для удешевления питательной среды штаммов грибов *T.harzianum* Uz CF-55, *P.canescens* UzCF-54, *F.moniliforme* GC-12 для максимального образования ГК и ИУК. Изучено влияние на синтез ИУК и ГК на средах Мандельса и Чапека где сахароза и меласса добавлены в среду в соотношении 3%. С целью подбора оптимального источника углерода микромицеты культивировали в динамике в течение 14 суток. В контроле использованы среды Мендельса и Чапека, где источником углеродного питания являлась сахароза. В культуральной жидкости в динамике роста культур определяли ИУК и гибберелловую кислоту.

При исследовании образования индолил уксусной кислоты (ИУК) микромицетами, было показано, что на среде с сахароза + меласса максимальный синтез ИУК *T.harzianum* Uz CF-55 отмечен на 1,4 и 5 сутки роста который составил 2,4 мг/мл. У гриба *P.canescens* UzCF-54 этот показатель на 1 и 2 сутки показал 1,54 мг/мл, а гриб *F.moniliforme* GC-12 синтезировал ИУК на 1-3 сутки в пределах 2,3-2,4 мг/мл.

Максимальный синтез гибберелловой кислоты при использовании 3% сахароза + меласса отмечен у *T.harzianum* Uz CF-55 к 3 и 4 суткам 0,43- 0,5 мг/мл, к 9-10 суткам количество ГК составило 0,67-0,68 мг/мл. Образование ГК гриба *P.canescens* UzCF-54 показало динамичное увеличение ГК с 1 по 10 сутки с показателем от 0,28 мг/мл до 0,78 мг/мл. Максимальный синтез ГК гриба *F.moniliforme* GC-12 отмечен в течении 6 суток 0,7 мг/мл. На другие сутки наблюдалось снижение ГК.

Таким образом, максимальный синтез ИУК отмечен в течении 5 суток культивирования на среде в качестве углеродного источника служила 3% меласса+сахароза. В этой среде количество ИУК у штаммов *F. moniliforme*, *T.harzianum* Uz CF-55, *P.canescens* UzCF-54, *F.moniliforme* GC-12 составило 2,4, 1,54 и 2,4 мг/мл, соответственно. Показано, что максимальный синтез ГК образуется на 9-10 сутки *T.harzianum* Uz CF-55, *P.canescens* UzCF-54 0,5- 0,68 мг/мл. У *F.moniliforme* GC-12 наибольший синтез составил на 6 сутки 0,7 мг/мл. Отмечено, что изученное соотношение углеродных источников значительно увеличивало образование ИУК и ГК по сравнению с классической питательной средой.

БИОЛОГИЧЕСКАЯ АКТИВНОСТЬ БЕЛКОВЫХ КОМПОНЕНТОВ ПОВИЛИКИ

Кахарова К. А., Хашимова З. С., Сагдиев Н.Ж.

Институт биоорганической химии им. акад. А.С. Садыкова АН РУз
100125, Узбекистан, г. Ташкент, ул. Х. Абдуллаева, д. 83
ibchem@uzsci.net

Наш интерес к повилики обусловлен необходимостью в высоко активном цитотоксическом веществе, эффективном против раковых клеток для дальнейшего создания опухоль - адресованного терапевтического средства.

В последние годы появился целый ряд работ по выделению и характеристики активного химического начала из повилики (*Cuscuta*), названный авторами кускутные кислоты – А и Д, а также гликопротеидов.

В составе экстракта повилики китайской (*Cuscuta chinensis*) обнаружены противоопухолевые вещества гликозидподобной природы.

Целью данной работы является изучение цитотоксической активности лектиноподобных гликопротеидов, выделенных из семян повилики, произрастающих в Средней Азии на клетках рака молочной железы С127.

В качестве растительного сырья использовали семена повилики (*Cuscuta europa*) произрастающие на луговых травах.

Лектиноподобные белки (ЛПБ) были выделены из семян повилики путем экстракции солевым раствором с последующим ступенчатым высаливанием сульфатом аммония до конечной концентрации 20 и 50%. После центрифугирования полученные супернатанты были обозначены С20 и С50 и осадки – ЛПБ20 и ЛПБ50 диализованы против дистиллированной воды, лиофильно высушены и использованы для дальнейшей работы. Белки охарактеризованы электрофоретически.

Содержание белка определяли по методу Лоури. Содержание общих сахаров определяли антрон-серноокислотным методом. Оценку гемагглютинирующей активности лектинов проводили путем постановки реакции гемагглютинации в иммунологических планшетах.

Установлено, что наибольшую гемагглютинирующую активность проявляли фракции ЛПБ20 и ЛПБ50, специфичность к углеводам глюкозе и маннозе проявила фракция ЛПБ50..

Цитотоксическая активность полученных фракций определена с помощью МТТ-теста и подсчету живых клеток. Установлено, что наибольшую цитотоксическую активность проявили суммарная фракция и фракции ЛПБ20 и ЛПБ50 – 73,6, 75,0 и 76,0% при дозе белка 100 мкг/мл, а также фракции ЛПБ20 и ЛПБ50 – 51,2 и 64,2% при дозе белка 10мкг/мл, со-ответственно. Аналогичные результаты получены при подсчете клеток трипановым синим.

Таким образом, лектиноподобные белки *Cuscuta europa* проявляют цитотоксическую активность в куль-туре клеток С127

КАРТОШКА ТУГАНАКЛАРИНИ *in vitro* УСУЛИДА МИКРОКЎПАЙТИРИШ

Маматқулова Ш.Х., Рахманов Б.К., Буриев З.Т., Убайдуллаева Х.А.,
Шерматов Ш.Э., Абдурахмонов И.Ю.

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

Картошка (*Solanum tuberosum* L.) етиштириш майдонига кўра жахонда шоли ва буғдойдан кейинги учинчи энг муҳим экин тури ва миллиардлаб инсонларнинг озиқ-овқат манбаи ҳисобланади. Дунё бўйлаб картошканинг турли хажм ва шаклларга эга бўлган 4000 дан ортиқ турлари учрайди [1]. Анъанавий уруғлик картошка етиштиришга боғлиқ икки хил асосий муаммолар мавжуд: биринчиси, экин майдонларида кўпайиш коэффицентининг пастлиги ва иккинчиси, вирусли, бактериал ва замбуруғли касалликларга чалинишга юқори даражада мойиллик [2, 3]. Бундан ташқари экин майдонида ўсимликларнинг ҳар бир кўпайиш босқичида вирусли, бактериал ва замбуруғли касалликлар билан зарарланиш хавфи ортади, чунки вегетатив кўпайиш даврида касаллик туганаклар орқали авлоддан авлодга ўтиши мумкин. Бироқ *in vitro* усулида микрокўпайтирилган материаллар ёрдамида юқори сифатли натижа ва етиштириш йўриқномаларига асосланган ҳолда вирусдан ҳоли уруғлик картошка етиштириб ушбу иккала муоммаларни бартараф этиш мумкин.

Картошка микрокўпайтирилишининг якуний маҳсули ниҳолчалар ёки микротуганаклар ҳисобланади. Гермоплазмани сақлаш ва алмаштиришда ҳамда уруғлик картошка етиштиришда микротуганаклардан фойдаланиш бир қанча афзалликларга эга, чунки микротуганаклар узоқ муддат сақланиши мумкин ва уларга ишлов бериш ҳамда ниҳолчаларга қараганда транспорт қилиш осонроқдир. Туганакнинг хажмини ошириш муҳимдир, чунки микротуганак қанча йирик бўлса, сақлаш даврида уларнинг йўқотилиши шунчалик кам бўлади, ҳамда энг асосийси бошланғич униш энергияси, ниш уриш ва ҳосилдорлик сифатлари юқори бўлади. Микротуганаклардан кўпайиш материали сифатида фойдаланишдан ташқари улардан бошқа мақсадларда қўллаш ҳам фойдалидир, микротуганакларнинг гермоплазмани сақлаш ва алмаштириш ёки тадқиқот воситаси сифатида ўсимлик метоболизми, гермоплазма селекцияси ва баҳолаш, трансформация, молекуляр культуралаш ёки соматик гибридизация йўналишларида ва агрономик жиҳатдан аҳамиятли бўлган, яъни биологик етилиш, абиотик стрессга бардошлилик каби хусусиятларни *in vitro* селекцияси мақсадида фойдаланиш мумкин.

Шу сабабли, бизнинг мақсадимиз вирусли, бактериал ва замбуруғли касалликларга чидамли, ҳамда ҳосилдор трансформация қилинган *in vitro* картошка туганаклари етиштиришдир. Ҳозирда лабораториямизда трансформация қилинган ва *in vitro* шароитида туганакларни микрокўпайтириш ва уларни тупроққа мослаштириш бўйича илмий изланишлар давом этмоқда.

ФОЙДАЛАНИЛГАН АДАБИЁТЛАР

International Potato Center. <http://cipotato.org/potato/facts/>.

Fiers, Edel-Hermann, Chatot, Hingrat, Alabouvette, et al.. Potato soil-borne diseases. A review. *Agronomy for Sustainable Development*, Springer Verlag/EDP Sciences/INRA, 2012, 32 (1), pp.93-132.

S. B. F. Galvino-Costa, A. dos Reis Figueira, V. V. Camargos, P. S. Geraldino, X-J. Hu, O. V. Nikolaeva, C. Kerlan and A. V. Karasev. [A novel type of Potato virus Y recombinant genome, determined for the genetic strain PVY](#). Plant Pathology. Volume 61, Issue 2, April 2012, Pages: 388–398.

ФЛАВОНОИДЛАРНИНГ ДЎЛАНА МЕВАЛАРИ ТАРКИБИДАГИ МИҚДОРНИ АНИҚЛАШ

Мурадходжаева З.Б., Артикова Р.М.

Тошкент кимё технология институти,
100011, Ўзбекистон, Тошкент шаҳри, Навои кўчаси 32.

Rartikova61@mail.ru

Флавоноидлар – сувда эрувчи ва липофил табиий фенолли гетроциклик кислород тутувчи бирикмалардан бири бўлиб, сариқ, зарғалдоқ ёки қизил рангларда бўлади. Улар бир нечта гуруҳчаларга бўлинади буларга: катехинлар, антоцианлар ва лейкоантоцианлар, флаворин, изофлаворин, флаворонин, флаворинол, шунингдек халконлар ва дигидрохалконларнинг ҳосилалари киради. Ҳозирги кунда 6500га яқин флавоноидлар маълум. Уларнинг кўпчилиги ўсимликларда гликозидлар–қандлари билан турлича бирикмалар кўринишида учрайди. Кўпчилик флавоноидлар ўсимликларга ранг берувчи пигментлардир. Масалан, антоцианлар гулларни, меваларни, барглари ва пояни пушти рангдан қора ранггача, флаворин, флаворинол, аурон ва халконлар эса сариқ ва зарғалдоқ рангга бўяйди.

Флавоноидлар ўсимликларнинг турли органларида гулларида, баргларида ва меваларида кенг тарқалган. Айниқса ёш гуллар ва пишиб етилмаган мевалар флавоноидларга бой. Флавоноидлар юксак ўсимликлар метоболизмида муҳим рол ўйнайди. Улар фотосинтезда иштирок этади, ҳимоя субстанциялари - лигнин ва суберинларнинг ҳосил бўлишини бошқаради, уруғларнинг ўсиш жараёнларини, ўсимликларнинг ўсиш қисмининг пролиферацияси ва апоптозини назорат қилади. Сут эмизувчилар ва инсонлар организми биофлавоноидларни синтезлаш хусусиятига эга эмас, шунинг учун уларнинг озикланишида ўрни беқиёс компонентлар ҳисобланади. Инсонларнинг флавоноидларга бўлган эҳтиёжи 50–100 мг/сут.ни ташкил этади.

Флавоноидларнинг биологик фаоллиги аскорбин кислотанинг оксидланишини тўхтатиш ва липидларнинг перекисли парчаланиши, шунингдек оғир металлларнинг ионларини улар билан хелатли комплекс ҳосил қилиш орқали инактивациялаш билан боғлиқ. Яъни флавоноидлар инсон организмидаги моддалар алмашилишида иштирок этувчи асосий фермент тизимларининг фаоллигини ўзгартириши мумкин, масалан, аскорбиноксидазани ингибирлайди. Флавоноидлар, аскорбин кислота каби енгил оксидланиш ва тикланиш хусусиятига эга, шунингдек улар водород молекуласини нафас олиш субстрати ва ҳаво кислороди орасида ташувчи бўлиб ҳам хизмат қилиши мумкин.

Дўлана мевалари таркибидаги флавоноидларни миқдорини аниқлаш учун уларнинг хлорид алюминийнинг спиртли эритмаси билан бўялган комплекс ҳосил қилиш хусусиятига асосланган ҳолда усул танланди. Бунда ютишнинг узун тўлқинли батохром силжишини юзага келтиради ва 412 нм тўлқин узунлигида асосий максимал ютилиш кузатилади.

Синалаётган эритмани турғун бۆёк хосил қилишини эритма тайёрлангандан сўнг 1 соат давомида аниқлаш учун кузатилди. Кузатишлар натижасида реактив қўшилганидан сўнг 30 минутдан кейин максимал оптик зичлик ҳосил бўлганлиги аниқланди.

Дўлана мевалари таркибидаги флавоноидларнинг тўлиқ экстракция бўлишига хом ашёнинг майдаланиш даражаси, экстрагентнинг концентрацияси, хомашё ва экстрагентнинг нисбати ва экстракциянинг оптимал вақтининг таъсири ўрганилди. Кузатишлар натижасида хомашё заррачаларининг ўлчами 0,5 мм бўлганда тўлиқ экстракцияланиши аниқланди. Дўлана флавоноидларини ажратиш учун хом-ашё экстрагентнинг нисбати 1:30 бўлганда энг яхши экстрагент 70%ли этанол эканлиги кузатилди. Экстракциялаш учун оптимал вақт тажриба кўрсаткичларига асосан 45 минутни ташкил этди.

Олинган натижаларга кўра флавоноидлар миқдорига кўра дўлана меваларини флавоноидлар манбаи бўлган доривор ўсимликлар қаторига қўшиш мумкин.

ОПТИМАЛЬНАЯ ФОРМА ПОДДЕРЖАНИЯ БИОТЕХНОЛОГИЧЕСКОЙ КОЛЛЕКЦИИ КАРТОФЕЛЯ

Насырова Г.Б., Собирова М.Ш., Тожиева Л.О., Сайфиева Х.Д., Адылов Ш.К.,
Абдулхакова С.А., Зукурова З.А., Абдурасулов Х.А.,
Казбеков К.Н., Холмуратов Э.Г.

Институт биоорганической химии им. акад. А.С. Садыкова АН РУз
100125, Узбекистан, г. Ташкент, ул. Х. Абдуллаева, д. 83
biorast50@mail.ru

Наиболее приемлемой формой генбанков для вегетативно размножаемых культур являются биотехнологические коллекции, которые позволяют на небольших площадях содержать большое количество различных генотипов в абсолютно свободном от любых патогенов и жизнеспособном виде. Для картофеля, прежде всего – это отсутствие вирусных инфекций и способность, при необходимости, к дальнейшему размножению. Материал из биотехнологической коллекции может быть использован как в производственных целях – производство исходного безвирусного материала для первичного семеноводства, так и для проведения прикладных и фундаментальных исследований. Основная проблема при поддержании биотехнологических коллекций, насчитывающих хотя бы свыше 100 генотипов – определение условий, позволяющих поддерживать материал в жизнеспособном состоянии при минимализации затрат на его обновление – то есть его пассирование. В настоящее время биотехнологическая коллекция картофеля Института биоорганической химии АН РУз насчитывает около 200 генотипов, включая современные коммерческие сорта, старые традиционно культивируемые в Узбекистане сорта, новые линии и клоны. Поддержание такого количества генотипов в жизнеспособном состоянии требует не просто постоянного контроля, но, прежде всего непосредственного задействования квалифицированных специалистов для своевременного перепассирования материала.

При разработке генотип-независимого способа получения микроклубней на основе определения влияния светового режима на процесс инициации клубнеобразования, было показано, что микроклубни любого генотипа могут

находиться в условиях *in vitro* после формирования до восьми месяцев, после чего начинают прорастать. Стерильные микроклубни могут быть пересажены на свежие среды для прорастания, образования растений и опять получения микроклубней. Таким образом, поддержание коллекции в виде микроклубней, позволяет увеличить срок культивирования до последующего пассирования до восьми месяцев, что значительно упрощает содержание большого числа генотипов в стерильном и жизнеспособном виде.

ШОЛИ НАВЛАРИНИ ЯРАТИШДА ҚЎЛЛАНИЛАЁТГАН ЯНГИ БИОТЕХНОЛОГИК УСУЛЛАР

Норбобоева Р.Б., Рахманов Б. К., Буриев З.Т., Абдурахмонов И.Ю.

ЎзРФА Геномика ва биоинформатика маркази
111215, Ўзбекистон, Тошкент в-т., Қибрай т-н, Университет кўч., 2-уй.

Бутун дунё деҳқончилигида шоли экилиш майдони ва ялпи ҳосилдорлигига кўра юқори ўринда тўради. Шоли экин майдонларининг асосий қисми жануби-шарқий Осиё мамлакатларига, биринчи навбатда Бирма, Ҳиндистон, Индонезия, Таиланд, Филиппин давлатларига тўғри келади. Умуман Осиё мамлакатлари ҳиссасига шоленинг бутун дунёдаги экин майдонларининг 90% и тўғри келади. Кейинги 15 йил давомида бу минтақада шоли ҳосилдорлиги 30% дан кўпроқ ошган. Лотин Америкасида ҳам шоленинг ялпи ҳосили экин майдонларининг кенгайиши ҳамда ҳосилдорликни ошириш ҳисобига кўпайганлигини кўришимиз мумкин.

Ривожланган мамлакатларда дунёдаги шоли майдонининг 3% и жойлашган, аммо деҳқончилик маданияти юқори бўлганлиги туфайли улар шоли донига бўлган ички эҳтиёжини тўла қондириб, айримлари шоли сотиш бўйича йирик экспорт қилувчи мамлакатларга айланган.

Италия, Австралия, АҚШ да шоли ҳосилдорлиги ўртача 60 ц/га атрофида. Дунёда, ҳозирда энг йирик шоли экспорт қилувчи давлатлар АҚШ ва Таиланд ҳисобланади. Бу давлатлар ҳисобига дунёда шоли экспортининг 1/4 қисми тўғри келади. Шоли етиштириладиган мамлакатларда унинг 10 мингдан ортиқ навилари етиштирилади.

Шоли *oryza*-бошоқдошлар оиласига мансуб бир ва кўп йиллик ўсимликлар туркумига киради. Бу донли экинни 20 га яқин тури асосан Жанубий ва Шарқий Осиё, Африка, Америка, Австралия тропик ва субтропик минтақаларида ўсади. Деҳқончиликда тропик, субтропик ва мўътадил поясинг илиқ минтақаларида бир йиллик экма шоли *O. Sativa* тури экилади. Жанубий-Шарқий Осиёда бундан 7 минг йил муқаддам шоли экилган. Шоликорликнинг энг қадимги маконлари Ҳиндистон ва Хитой ҳисобланиб, Ўрта Осиёда милoddан аввалги 3-2-асрдан, Европада 8-асрдан, Америкада 15-16-асрдан бошлаб экилган. Ревожланган мамлакатларда шоли навларини яратишда МАС технологияларидан, трансформация қилишнинг ҳар хил усулларидан кенг қўламда фойдаланишмоқда.

Масалан *Putu Supartana* бошчилигидаги бир гуруҳ япон олимлари *Agrobacterium tumefaciens* бактериясидан фойдаланиб шолида (*Oryza sativa* L. var. *Koshihikari*) *in planta* трансформацияни амалга оширишган. Улар ўз тадқиқотларида шоли уруғларини икки кун сувда ивитиб, ҳосил бўлган муртак апикаль

меристемасига *Agrobacterium tumefaciens* билан инокуляция (юктириш) қилган. Инокуляция жараёндан сўнг муртакни ўзидан колус ҳосил бўлган.

Agrobacterium ни бир неча штамлари ва М 21 мутант штамлари мана шу тадқиқотларда синовдан ўказилган ва муқобиллари ишлатилган. Унинг плазмедаси ПЦР реакция орқали текширганда плазмедаси таркибида T-DNA қисми шолени геномига ўтганлиги ва унинг трансформация даражаси ПЦР реакцияларининг натижасига кўра 40-43% эканлиги аниқланган. Кимиёвий таҳлиллар натижасида эса плазде таркибида β -glucuronidase ферменти борлиги аниқланган.

МАС технологияси кўпгина қишлоқ хўжалик экинларига жорий этилиб, янги нав ва линиялар олинмоқда. Жумладан, донли экинлар (буғдой, шоли, арпа, сули, маккажўхори), сабзоват ва полиз экинлари (картошка, помидор, қовок) ҳамда бошқа кўпгина қишлоқ хўжалик экинларининг касалликларга чидамлик, дон ва мева сифатлари, ҳосилдорлик каби қимматли белгилар билан бириккан QTL локуслари керакли генотипларга интрогрессия қилиниб янги линиялар ва навлар яратилган.

Шоли навларини яратишда *in planta* трансформация усулидан фойдаланиш мақсадида шоленинг давлат реестрига киритилган 14 та нави уруғлари ундирилиб, *in planta* трансформация амалга оширилди. *In planta* трансформация қилинган уруғлар экилиб T1-авлод уруғлари олинди. Бугунги кунда ушбу олинган янги T1-авлод уруғлари лаборатория шароитида экилиб, ўсимликларнинг биометрик кўрсаткичлари, морфологик белгилари ва биоэкологик хусусиятлари ўрганилмоқда.

БОТАНИКА БОҒИ ЎТ ЎСИМЛИКЛАР СИСТЕМАТИКАСИ ТАЖРИБА МАЙДОНИНИНГ БУГУНГИ ХОЛАТИ

¹Норбобоева Р.Б., ²Примова Ф.Р.

¹ЎзР ФА Геномика ва биоинформатика маркази

Ўзбекистон, Тошкент вил., Қибрай тум, Университет кўча, 2-уй

²ЎзР ФА Ўсимлик ва ҳайвонот олами генофонди институти Тошкент ботаника боғи
Ўзбекистон, Тошкент ш., Юнусобод тум, Боғишамол кўча, 232-уй

Инсон ўсимликлардан фойдаланишни қадимдан турли йўллари билган. У яшаш ва ҳаёт кечириш учун ўзининг атрофидаги турли туман ўсимликларнинг майсалари, новдалари, барглари, мевалари, уруғлари, пиезлари, тугунаклари, илдизлари ва илдизпояларидан озик овқат ва дори -дарман сифатида фойдаланган. Улар миллион йиллар давомида ўсимликларни ўстириш, кўпайтириш, боғ барпо этиш, кўкаламзорлаштириш ишларини амалга оширган. Атроф муҳитга, ўсимликларга бўлган қизиқишлари боис Ўзбекистон флораси ўрганилиб, улар ниҳоятда ҳилма хил эканлиги аниқланган.

Ўзбекистон флорасига 4500 га яқин юксак ўсимлик турлари киритилган. Озик овқат ўсимликлари 42 турни, озуқабоп (ем ҳашак) ўсимликлар 107 турни, доривор ўсимликлар 113 турни, алкалоид сақловчи ўсимликлар 76 турни, сапонин сақловчи ўсимликлар 15 турни, эфир мойли ўсимликлар 53 турни, ёғ тўшловчи ўсимликлар 56 турни, танид сақловчи ўсимликлар 59 турни, бўёқбоп ўсимликлар 58 турни, камед сақловчи ўсимликлар 9 турни, смола сақловчи ўсимликлар 9 турни, мум сақловчи ўсимликлар 5 турни, каучук сақловчи ўсимликлар 4 турни, целлюлоза қоғозбоп ўсимликлар 14 турни, ёғоч берувчи ўсимликлар 16 турни, зийнат (безак) учун фойдаланиладиган ўсимликлар 30 турни, асал шира берувчи ўсимликлар 115 турни

Ўз ичига олади. Мана шу ўсимликлардан оқилона фойдаланиш, интродукцинтлар ҳисобига флорани янада бойитиш мақсадида 1943 йил Ботаника боғи ташкил қилинган. Мазкур боғ 1950 йилдан 1960 йилгача барпо этилган бўлиб, 4500 дан ортиқ манзарали дарахтлар, буталар ва гулларнинг ноёб тури ва нави парваришланаётган 65,34 гектар майдонни ташкил этади. Ботаника боғида, энг аввало, Ўзбекистоннинг “Қизил китоб” ига киритилган манзарали, доривор ўсимликлар коллекциясини яратиш, ўсимликлар дунёси хилма-хиллигини сақлаш, бойитиш борасидаги илмий тадқиқот ишлари олиб борилади. Ботаника боғини ободонлаштириш ва замонавий талабларга мос масканга айлантириш масалалари тўғрисида” Ўзбекистон Республикаси Вазирлар Маҳкамаси 14.01.2014 йил 4-сонли баённомасида қатор вазифаларни белгилаб берди. Белгиланган вазифалар 5 та йўналиш бўйича амалга оширилмоқда: 1.Инфраструктура ва моддий-техник базани ривожлантириш; 2.Илмий-тадқиқотва селекция фаолиятини ривожлантириш; 3.Ўсимлик дунёси генофондини сақлаш ва уни бойитиш; 4.Экологик-маданий-маърифий ва таълим фаолиятини ривожлантириш; 5.Ахборот - коммуникация технологияларни қўллашни жорий этиш ва уни кенг тарғиб қилиш.

Ўсимлик дунёси генофондини сақлаш ва уни бойитиш йўналишида иш олиб бораётган ўт ўсимликлар систематикаси тажриба майдони 1,5 гектарни ташкил этиб, табиатда тарқалган камёб, эндем ва “Қизил китоб” га киритилган турларини сақлаб қолиш ва уларни кўпайтириш ишларини амалга оширмоқда. Ўт ўсимликлар систематикаси тажриба майдонига ҳар йили бевосита табиатдан ўсимликларнинг уруғлари, кўчати, қаламчалари, илдиз мевалари, илдиз тугунаклари ва пиёзлари келтириб экилади ва мослаштириш жараёнида фенологик кузатувлари олиб борилади. 2016 йилги кўзатишлар натижасида ўсимликларнинг баҳорги уйғониш даври охири 5 йилликка нисбатан 6-8 кун олдин бошланганлиги аниқланди. Бу йил март ойида Сўқоқ қишлоғи атрофидаги маҳсус майдондан туганакли, пиёзли, илдиз пояли 9 та тур ўсимлик келтирилди. Ҳозирда ўсимликларни ботаника боғи шароитида мослаштириш ишлари олиб борилмақда. Ўт ўсимликлар систематикаси тажриба майдонида *A.pskemense* B.Fedtseh, *A.stipitatum* Regel, *A.longicuspis* Regel, *A.filipendulina* Lam., *A.millefolium* L., *A.absinthium* L., *A.absinthium* L., *A.dracunculus* L. *T.pseudachillea* C.Winkl. каби ўсимликлар алоҳида парваришланиб, илмий тадқиқот ишлари олиб борилмоқда.

МОДЕЛЬ ЎСИМЛИК - *ARABIDOPSIS THALIANA*

Раҳманов Б.К., Абдуллаев А.Н., Ботиров А.З., Мирзаев Э.М.,
Буриев З.Т., Абдурахмонов И.Ю.

ЎРФА Геномика ва биоинформатика маркази
111215, Ўзбекистон, Тошкент вилояти, Қибрай тумани, Университет кўчаси, 2-уй
bakhtiyor.rakhmanov@gmail.com

Arabidopsis thaliana жуда кичик ўсимлик бўлиб, уни бутун ер шари бўйлаб очик табиатда учратиш мумкин. *Arabidopsis* икки паллали ёпиқ уруғли, автотроф ўсимликдир. Ўсимликларнинг қандай ўсиши ва репродукция беришини англаш орқали биз кенг миқёсда мўл ҳосил етиштириш ва кўпроқ озиқ-овқат олиш имконига эга бўламиз. *Arabidopsis* диплоид табиати, маҳсулдор ва қисқа муддатли репродукцияцион хусусияти, ҳамда геномининг нисбатан кичиклиги сабабли генлар

ва уларнинг функцияларини таҳлил қилиш учун аъло даражадаги модель ўсимлик ҳисобланади.

Arabidopsis тўлиқ геноми 2000 йилда ўқилган бўлиб, у ўсимликлар қироллигида энг кичик геном 135 Мб ҳажмига эгадир. Ўсимлигининг такрорланувчи кичик ДНК таркибли ва бир неча кичик интронлар билан зич жойлашган генлари беш жуфт кичик хромосомалар томонидан ташилади [1]. Бу ўсимлик йиллар давомида мунтазам тадқиқ қилинади [2, 3] ва тадқиқотлар махсус қатор маълумотлар базасида сақланади. Масалан, генетик ва молекуляр биологик Арабидопсис Маълумотлар Манбасида (The Arabidopsis Information Resource, TAIR) унга тегишли тўлиқ геном секвенси, ген экспрессия ва унинг маҳсулотлари, ДНК, уруғлари, геном харитаси, маркерлари, илмий мақолалар ва илмий институтларнинг фаолиятлари сақланади ва доимий янгилари киритилиб борилади [3]. Сўнги маълумотлар статистикасига кўра унинг геноми 27416 оқсил кодловчи генлар, 4827 псевдогенлар (транспозонлар), 1359 оқРНК дан (оқсил кодламайдиган) иборат бўлиб, секвенирлаш таҳлиллари орқали функционал даражаларга гуруҳланади [4].

Бутун геномларнинг функционал ҳолатини оммавий секвенирлаш, инсерцион мутагенез ва РНК экспрессиясини профиллаш каби кўплаб таҳлилларни олиб бориш ва аниқлашда *Arabidopsis* бутун дунё олимларининг асосий тажриба ва модел объекти ҳисобланади.

Бу ўсимлик тўғрисида машҳур ибора ҳам мавжуд “*Arabidopsis* учун нима ҳақиқат бўлса, бу барча ўсимликлар учун ҳам ҳақиқатдир”, ушбу иборадан маълум бўладики деярли барча ўсимликлар учун *Arabidopsis* ўсимлигида модель ўсимлик сифатида ҳар томонлама самарали тажрибалар олиб бориш мумкин.

Маркизимизда *A. thaliana* ўсимлиги фитотрон махсус ноёб объектида етиштирилиб ундан ғўза ва бошқа ўсимликлар билан бир вақтда (ёки аввалроқ) тола сифати, эрта пишарлик, ҳосилдорлик, турли патогенлар, шўрланиш ва қурғоқчилик каби стресс омилларига чидамли ўсимликларни яратиш ва специфик генларни молекуляр даражада ўрганиш мақсадидаги тажрибаларимизда мунтазам фойдаланилади. Ушбу изланишларда ва ижобий натижаларда унинг аҳамияти каттадир.

Фойдаланилган адабиётлар

1. Arabidopsis Genome Initiative. Analysis of the genome sequence of the flowering plant *Arabidopsis thaliana*. *Nature*. 2000, 14;408(6814):796-815.
2. Bevan M, Walsh S. The Arabidopsis genome: a foundation for plant research. *Genome Res*. 2005 Dec;15(12):1632-42.
3. David Swarbreck et al. The Arabidopsis Information Resource (TAIR): gene structure and function annotation. *Nucleic Acids Res*. 2008: D1009–D1014.
4. The TAIR10 statistics, <https://www.arabidopsis.org>.

**ФИТОТРОН НОЁБ ОБЪЕКТНИНГ ҚИММАТЛИ ЎСИМЛИКЛАРНИ
МУҲИТГА АДАПТАЦИЯСИ ВА КЎПАЙТИРИЛИШИДА АҲАМИЯТИ**
Рахманов Б.К., Рузибаев Х.С., Мирзахмедов М.Х., Абдуллаев А.Н., Буриев З.Т.,
Убайдуллаева Х.А., Шерматов Ш.Э.,
Абдурахмонов И.Ю.

ЎР ФА Геномика ва биоинформатика маркази
111215, Ўзбекистан, Тошкент вилояти, Қибрай тумани, Университет кўчаси, 2-уй
bakhtiyor.rakhmanov@gmail.com

Фитотрон термини юнон тилидан олинган бўлиб phyton – ўсимлик, tron – жой, ўрнашиш маъноларини англатади. Фитотрон махсус тадқиқот лабораторияси бўлиб, бу ерда ўсимликлар сунъий равишда бошқарилувчи шароитларда етиштирилади. Фитотрон ўсимликларнинг ўсиши ва ривожланиши даврида уларнинг ташқи муҳит омилларига жавобини ўрганиш учун хизмат қилади, ўз навбатида бу тадқиқотчилар учун табиий экотизимларнинг муоммаларини ҳал қилишда қўл келади.

Ўсимликлар физиологияси ва ботаникаси соҳаларида олиб борилган изланишлар натижасида Эрхарт Ўсимликлар Тадқиқоти Лабораторияси (Earhart Plant Research Laboratory) номли биринчи фитотрон 1949 йилда профессор В. Вент томонидан АҚШ нинг Калифорния Технология Институтини ташкил этилган [1, 2].

Бугунги кунда ўсимликлар (молекуляр) биологияси, физиологияси, экологияси, чидамлилиги ва геномикаси каби кўплаб йўналишларда фитотрон ўсимликлар устида олиб борилувчи тадқиқотларнинг муҳим ва ажралмас қисми ҳисобланади, ҳамда у дунё бўйлаб Климатрон, Биотрон, Экотрон ва Бизатрон каби бир қатор бошқа номлар билан ҳам аталади.

Марказимиз фитотронини олиб борилаётган изланишларимиздан мақсад Трансгеномика ва Тўқималар Культураси лабораториясида соматик эмбриогенез усули орқали давомий олинаётган янги ўсимликларни тупроқ ва ташқи муҳитга мослаштириш, ҳамда уларнинг нормал ўсиб-ривожланишини таъминлаб бирламчи уруғларини олиш ва навбатдаги иссиқхона ва дала шароитларида ўсимликларни кўпайтириш босқичларига етказиб беришдир.

Бунда ноёб фитотрон объектнинг аҳамияти жуда каттадир

Гўза, картошка, буғдой, узум, зайтун, арабидопсис, дориворлик хусусиятига эга ўсимлик материаллари фитотронда адаптация жараёнларини ўтайди ва кўпайтирилади. Булардан фақат арабидопсис ўсимлиги уруғидан кўпайтирилиб тадқиқотларда модель ўсимлик сифатида фойдаланилади. Фитотронда етиштирилаётган ўсимлик материаллари илм-фанда қимматли ҳисобланади, чунки уларнинг аксарияти юқори илмий-амалий натижаларга эришиш мақсадида инновацион технологиялар ёрдамида трансформация қилинган генетик векторларни ўзларида тутган, бундан ташқари бу жараёнларни амалга оширилиши учун катта миқдорда молия, кимёвий реагентлар, шароит ва вақт талаб этилади, булар эса жуда қиммат, айниқса ҳозирги даврда.

Марказимиз фитотронини соғлом ўсимлик репродукцияси учун тупроқ таркиби, ҳарорат, намлик, ёруғлик сифати ва жадаллиги, кун-тун узунлиги, сув ва озиқа таъминоти, патоген ва ҳашоратларга қарши кураш каби барча муҳим омиллар оптималлаштирилган ва улар назоратга олинган. Шу туфайли фитотрон фаолияти юқори ва ижобий натижалар бериб келмоқда. Бундан ташқари фитотрон бир йилда бир неча бор ҳосил олиш имконини беради.

Келажакда тадқиқотларимизда ўсимликлар биологиясининг янада янги жиҳатларини ўрганиш мақсадида инновацион ўсимликлар феномикаси тизимларини жорий этиш назарда тутилган.

Фойдаланилган адабиётлар рўйхати

1. Frits W. Went. THE PHYTOTRON. Caltech dedicates its fabulous weather-factory. ENGINEERING AND SCIENCE MONTHLY. 1949. VOL. XII.No9.
2. David P. D. Munns. (March 2010). "Controlling the Environment: The Australian Phytotron, the Colombo Plan, and Postcolonial Science". British Scholar. 2 (2): 197–226. doi:10.3366/brs.2010.0203.

СОЯГА НИТРАГИН ТАЪСИРИ

Тангирова Г.Н.

Ўзбекистон давлат жаҳон тиллари университети
100125, Ўзбекистан, г. Ташкент, ул. Х. Абдуллаева, д. 83,
tangirova1966@mail.ru

Мамлакатимизда дуккакли дон экинларининг майдонларини кенгайтириш, етиштириш, ёғ-мой маҳсулотлари турларини кўпайтириш, аҳолини арзон оқсил, организм учун фойдали моддаларга бой экологик тоза маҳсулот билан таъминлаш, шунингдек тупроқ унумдорлигини ошириш ва сақлаш долзарб ҳисобланади.

Соя уруғларини экишдан олдин ризоторфин ёки нитрагин штаммлари билан ишлов бериб экилса, тупроқда ризобиум бактериялари ҳосил бўлади ва атмосферадаги биологик азотни ўзлаштириб тупроқни азот элементи билан бойитади ҳамда ўсимликнинг ўсиши, ривожланиши ҳамда ҳосилдорлигини оширади.

Тажрибалар ўтказилган Тошкент вилояти Ўрта-Чирчиқ туманидаги тупроқларида соянинг спонтан муқим бактериялари мавжуд. Тажрибада соя уруғлари нитрагин штамми билан ишланмаганда ҳам илдизларда тугунаклар ҳосил бўлди, чунки тупроқдаги муқим бактериялар соя ўсимлигини кутиб ётади, шароит бўлгандан ризобиум бактериялар фаолиятини бошлайди. Нитрагин қўлланилганда илдизларда тугунак бактериялар ҳаракати тезлашади, нитрагинсиз экилган уруғ илдизида тугунаклар фаолияти суст бўлади. Шунинг учун ҳар йили уруғлар нитрагинланиб экилса, соя навлари ҳосилдорлиги юқори бўлади.

Тажрибамизда соя навлари илдизларидаги тугунаклар сони нитрагин 137-штамми билан ишлов бериб экилганда, нитрагинсиз вариантларга нисбатан тугунаклар сони 3,3 марта кўп ҳосил бўлди.

Ўсимлик илдизида ҳосил бўлган тугунакларнинг ҳаракатда эканлигини билиш учун тугунаклар ҳар бир фазада илдиздан ажратиб олиниб ўрганилди. Бунинг учун барча вариантлардан 10 тадан тугунак ажратиб олиниб, ўткир лезвия ёрдамида иккига бўлиб, ушбу усул ёрдамида тугунакларнинг фаоллигини ёки азотни ўзлаштириши ўрганиб борилди. Тугунаклар кесиб кўрилганда улар қаттиқ бўлиб, ичи пушти рангда ҳамда пушти чизиқлари кўзга яққол ташланганлиги, тугунаклар кичик ёки катта бўлишидан қатъий назар уларнинг ҳаракати ёки атмосферадаги эркин азотни фаол ўзлаштираётганлиги аниқланди.

Олинган маълумотларнинг натижаларига кўра, турли соя навлари илдизларида нитрагинсиз вариантларда паразит тугунаклар сони ривожланиш фазаларига кўра ўзгариб бориши кузатилди. Ҳаракатсиз ёки кераксиз тугунаклар сони биринчи учталик барг ҳосил бўлиш фазасида 2-4 дона бўлган бўлса, гуллаш фазаси бошида бу хил тугунаклар сони 10-16 донагача бўлганлиги қайд этилди. Ҳаракатсиз тугунаклар ўсимлик ўсиб ривожланишига салбий таъсир қилади. Чунки ҳаракатсиз тугунакларнинг шаклланиши учун ҳам ўсимлик маълум миқдорда озика моддалар сарфлайди.

Нитрагинли вариантларда гуллаш фазасида кесиб кўрилган тугунаклар пушти рангда бўлганлиги ва ризобиум бактерияларининг фаоллиги тезлашганлиги, нитрагинсиз вариантларда эса кесиб кўрилган тугунаклар оқиш, қаймоқсимон рангда бўлганлиги кузатилди. Ушбу тугунакларнинг шаклланишида ўсимлик озика моддаларни сарфлайди, демак нитрагинсиз вариантларда кўшимча озика сарфи бўлиб, кўшимча озика сарфи вегетатив ва генератив органларнинг камайишига олиб келди.

Хулоса қилиб, шуни таъкидлаб ўтиш керакки, соя ўсимлигининг ер остки ва ер устки қисми бир-бири билан чамбарчас боғлиқдир. Шунга кўра, уруғларни нитрагин штамми билан ишлов бериб экиш тупроқни соф азот билан бойитади ҳамда унумдор тупроққа айлантиради, келгуси йилда экилган экин ҳосилдорлигини оширади ва уларга бериладиган азотли ўғитлар миқдорини сезиларли даражада камайтиради.

СКРИНИНГ МИКРООРГАНИЗМОВ УСТОЙЧИВЫХ К ПЕСТИЦИДАМ

Ташпулатов Ж.Ж., Зайнитдинова Л.И., Куканова С.И., Бахтиерова М.С.,
Эргашев Р.Б.

Институт микробиологии АН РУз
г.Ташкент, ул. А.Кадыри-7Б
imbasru@uzsci.net

Необоснованно чрезмерное использование пестицидов в сельском хозяйстве привело к загрязнению ими почвы, водоемов, растений. Учитывая количество вносимых и уже имеющихся в биосфере пестицидов, следует отметить необходимость детального изучения существующей проблемы. В связи с этим, ведутся поиски штаммов микроорганизмов-деструкторов для различных видов пестицидов. Микробная деградация токсикантов, осуществляемая за счет ферментных систем, является обнадеживающим подходом для деструкции органических токсикантов. По многочисленным данным биологические методы восстановления загрязненных почв требуют намного меньше затрат для своего применения, чем известные небиологические технологии, что объясняет актуальность проводимых исследований по разработке и применению на практике биотехнологических способов очистки почв, загрязненных пестицидами. В популяциях микроорганизмов таких почв возможно появление штаммов, способных к активной деструкции пестицидов. Такие культуры, безусловно, перспективны для ремедиации природных сред.

В связи с этим, нами проведено изучение микробной биоты участков пестицидного загрязнения экстремофильных зон Южного Приаралья.

Проанализировано 30 проб отобранных в данном районе. Из смешанных популяций почвенной биоты, подвергавшейся длительному воздействию техногенных и природных факторов, выделены различные бактериальные культуры. Микробиота исследованных почв разнообразна, но влияние пестицидов на микробиологические процессы, протекающие в почве, сильнее всего сказывается на процессах нитрификации (нитрификаторы из исследуемых зон не выделялись) и в меньшей степени на аммонификацию. Эта тенденция к подавлению указанных групп микроорганизмов сохраняется при анализе всех исследуемых участков. Детальный анализ микрофлоры показывает, что организующую роль в микробиоценозах выполняют бактерии родов *Bacillus* и *Pseudomonas*. Выделены также микроскопические грибы родов *Aspergillus*, *Penicillium*, *Cladosporium*. Определена чувствительность полученных микроорганизмов к различным концентрациям исследуемого комплекса пестицидов (Хлорпирифос + циперметрин). Установлено, что смесь пестицидов не подавляла рост выделенных штаммов *Bacillus* sp.11ИЗ и некоторых штаммов бактерий рода *Pseudomonas*. Определение чувствительности выделенных микроорганизмов к смеси пестицидов установило разнообразие ответных реакций бактерий на пестициды. Некоторые из выделенных штаммов бактерий были чувствительны к незначительным концентрациям, тогда, как штаммы *Bacillus* sp. 1 и 2, *Pseudomonas* показали значительную устойчивость к исследуемым пестицидам, что дает нам основание предполагать у них наличие потенциала деструкции последних. Внесение оптимальных доз такого рода микроорганизмов, установленных экспериментальным путем, может оказать существенное влияние на уровень концентрации пестицидов в столь важной природной среде, как почва.

***CYNARA SCOLYMUS* L. НИНГ ЎРГАНИЛИШ ТАРИХИ**

Турсунова М., Махмудова М.

Ўзбекистон Миллий Университети

100174, Университет кўчаси-4, Тошкент, Ўзбекистон

Ҳозирги кунда дунё аҳоли сонининг ортиши ўз навбатида, озиқ-овқат ва доридармон маҳсулотларига бўлган талабни янада оширмоқда, шу билан бир вақтда, киши организмнинг барча зарур моддаларга бўлган эҳтиёжининг тўлиқ таъминланиши ҳам фақат етарли миқдорда озиқланишга боғлиқ бўлмасдан, балки озиқ-овқатнинг хилма-хиллиги озуқабоп ўсимликлар ҳисобига бойитишни ҳам тақозо этади.

Теофрастнинг (эрамиздан 341 йил олдин) маълумотларида артишок Юнонистон ва Сицилияда жуда қадимдан маданий ҳолда экиб келинаётган ўсимликлардан бири эканлиги қайд этилган. Француз олими Пирре Лебовенернинг келтиришича, артишок Ўрта ер денгизи атрофидаги мамлакатларда табиий шароитда ўсган. Фақат XV асрдан бу ўсимлик маданий ҳолда маълум бўлганлиги, Италияда 1446 йилдан буён экиб келинаётганлиги, Францияга XVI асрда, Англияга эса 1550 йилдан кейин тарқалгани ҳақида у фикр баён қилади. Француз олими Равел эса артишок XV асрда Италиядан Европанинг бошқа мамлакатларига тарқалган, 1830 йили Россияда экилганлиги ва ўша вақтлар йилига 32 минг тоннагача артишок саватчаси йиғиб олинганлиги маълум, деб ёзади. Адабиётларда Россияга XVII асрда келиб қолган бўлиб, уни Москва атрофидаги сабзавоткорлар иссиқхоналарда

ўстириб ҳосил олинган, кейинчалик эса Москвадан Киев, Одесса, Нижний Новгород, Санкт-Петербург, Ростов, Ярославль каби губернияларга ҳам тарқала бошлаган. К.А.Тимирязев номли Қишлоқ хўжалик академияси қошидаги сабзавотчилик станциясида артишок ўстиришни қайтадан тиклаш мақсадида, уруғчилик ва агротехника ишлари амалга оширила бошланди. Москва атрофидаги колхоз ва совхозларга экилиб, ишлаб чиқаришга жорий этилди. Субтропик ўсимлик ҳисобланган артишок учун Россия шароити ноқулай бўлганлиги сабабли уни фақат иссиқхоналарда ўстириш имкониятига эга бўлдилар. Унинг илдизи қишда ертўлаларда сақланиб, баҳор келиши билан ташқарига чиқариб экилган ва вегетатив йул билан кўпайтирилган. Артишок ҳозирги вақтда мўътадил субтропик иқлимга эга бўлган Кавказorti давлатлари, Қора денгиз атрофида кўп йиллик ўсимлик сифатида ўстирилмоқда.

Артишок *Супара (L.) туркумига мансуб* *Супара scolymus L.* тури қоқиўтдошлар {Compositae, Asteraceae) оиласининг Lactucoideae (Liguliflorae, Cichorioideae) сутчўпдошчалар оилачасига, Lactuceae бўғинига мансуб. Унга киритилган турларнинг систематик ўрни тўғрисида А.Л.Тахтаджян, фикрича, оилачани бўғинларга: ажратишда бошқа барча хусусиятларидан ташқари чанг доначалари экзинасининг тузилиши типлари муҳим аҳамиятга эга. Шунга кўра, сутчўплар бўғини - гелиантоид тузилишидаги чанг доначасига эга бўлади. Бундай тузилган чанг доначалари - уч хужайрали, катта қисми 3-кольпоратли, псилат, эхинат ёки лофий қисмларга ажралади.

Артишок тури баъзи адабиётларда экиладиган артишок (посевная), баъзиларида эса тиканли артишок (А.колючий) деб берилган. *Супара scolymus L.* - экиладиган артишок. Маҳаллий номи: инглизча - artischocke; французча - artichaut соттип; италянча - Carcioffo articiossa; испанча - alcachofa, alcachofera; туркча - angimar; арабча - ardishanke; японча - chosen - azami; немисча - Artischocke. Ўрганилган ўсимлик *C. scolymus* ёввойи ҳолда Ўрта ер денгизи атрофи ва Шарқий Европада тарқалган. *Супара туркуми қоқиўтдошлар (Asteraceae) оиласининг Carduoideae оилачаси, Cardueae (Супареае) трибаси ва Synarinae трибачасига тегишлидир. П.П. Поляковнинг маълумотига кўра, Супара scolymus L. тузилиши ва келиб чиқиши билан Lamurorappus Knorr. et Tamamsch, Olgaеа Hjin ёки Alfredia Call туркумларига яқиндир. С.Г. Тамамшяннинг маълумотига кўра, Супара scolymus L. Ўрта ер денгизи атрофида ёввойи ҳолда тарқалган Супара cardunculus L. нинг бошқа жойларда иқлимлаштирилган навларидан бири бўлиши керак. Бу ўсимлик қадимий юнон олими - ботаника фанининг отаси Теофрастнинг ёзишича қадимий Мисрда ҳам экилган. Ҳозир бу ўсимликни Европа ва Ўрта ер денгизи атрофидаги бир қанча мамлакатларда озуқавий ва манзарали ўсимлик сифатида экилмоқда.*

ҲОЗПАНЖАЛАРНИНГ АҲАМИЯТИ

Турсунова¹М.,¹М.Махмудова,²А.Исломов

Ўзбекистон Миллий Университети
100174, Университет кўчаси-4,

²Тошкент Давлат Аграр Университети
Тошкент вилояти, Қибрай тумани, Университет кўчаси, 2-уй.

Potentilla - латинча “*Potentia*” сўздан олинган бўлиб, “кучли”-деган маънони англатади. Ўсимликнинг турли хил касалликларга қарши “кучли” таъсир кўрсатганлиги туфайли, шундай ном берилган.

Ҳозпанжа туркуми турлари ҳам Раънодошлар оиласининг кўпчилик турлари сингари фойдали ўсимлик саналади. Баъзилари асал-шира берувчи ўсимлик бўлса, айримлари ветеринария, қандолат саноатида ва косметикада ишлатилади.

Илмий тиббиётда ғозпанжаларнинг, асосан илдизпоясидан фойдаланилади. Улар ошқозон-меъда, юрак, жигар, ўпка сили, тиш оғриғи, ревматизм, безгак касалликларини даволашда қўлланилади. Ҳозпанжалардан тайёрланган препаратлар оғиз бўшлиғи яллиғланишини, меъда-ичак касалликларини, куйган ерларни, темиртки (экзема) ва бошқа тери касалликларини даволашда ишлатилади. Ҳозпанжа туркумига мансуб *P.canensis* туридан ларенгитни, *P.fedschenkoana* ва *P.dealbata* турларидан куйган жойларни даволашда фойдаланилади. *P.chrysantha* ва *P.desertorum* турлари аҳоли томонидан чой сифатида имтеъмол қилинади. Кенг ареалли *P.supina* ва *P.reptans* турлари дориворлик хусусияти жиҳатидан бошқа турлардан қолишмайди. Улардан шишларни даволашда дамлама, қайнатма ва мой, талқон сифатида фойдаланилади. Ҳатто, унинг раққа (саратон) қарши ишлатилиши ва юрак касали, ўпка, ошқозон, тиш оғриғини даволаши ва қонни тўхтатиши ҳақида ҳам маълумотлар бор.

Қайд этилганлардан ташқари, *Potentilla* туркуми вакиллари қорамоллар, отлар, эчки-туялар учун ем-хашак бўлиши билан ҳам муҳим аҳамият касб этади. Аниқроқ қилиб айтганда, *P.orientalis*, *P.hololouca* турлари қорамоллар учун; *P.gelida* отлар, қўйлар учун; *P.flabellata* қўйлар учун; *P.supina* эчки ва қўйлар учун яхши озуқа саналади, ушбу турларни кўклам ва ёз ойларида ҳайвонлар хуш кўриб ейдилар, туялар унчалик емайди. Отлар ва қорамоллар бу турни мутлақо емайди. *P. chrysantha* турини қорамоллар ейди. Туркумнинг қуйидаги вакиллари: *P.orientalis*, *P.conferta*, *P.multifida*, *P.nervosa*, *P.evestita*, *P.pedata*, *P.desertorum*, *P.gelida*, *P.chrysantha*. *P.asiatica*, *P.dealbata*, *P.fedschenkoana* илдизпоясида ошловчи моддалар, крахмал, флавоноид, гликозид, кумарин борлиги аниқланган. *P.orientalis*, *P.pedata*, *P.desertorum*, *P.asiatica* турларининг уруғида 21% гача мой, *P.arnavatansis* турида эса эфир мойи сақланиши аниқланган. Туркумнинг қуйидаги вакилларининг: *P.canensis*, *P.pedata*, *P.supina*, *P.reptans*, *P.orientalis* барг ва гуллари С витаминини сақлайди. *P.asiatica* ва *P.supina* асал шира берувчи ўсимликлар ҳисобланади. Ҳозпанжаларнинг дориворлик хусусиятларидан ташқари таркибида алкалоидлар сақлаши билан ҳам ажралиб туради. Булар: *P.orientalis*, *P.canensis*, *P.pedata*, *P.supina*, *P.desertorum*, *P.reptans* турлари киради.

P.erecta тури озик-овқат саноатида турли пряниклар ва балиқларни тайёрлашда ҳамда ҳар хил ичимлик сувларини ишлаб чиқаришда ишлатилади. *P.bifurca* –қувват берувчи ва ошқозон фаолиятини яхшиловчи ўсимлик саналади. *P.anserina* турининг пояси ўрмаловчи бўлиб, унинг ёш пояларидан салат қилинади,

унинг қайнатмаси ошқозон-ичак касалига, ичбуруққа қарши ишлатилади, бош оғриганда бош ювилади.

Г.К.Смык томонидан оқ ғозпанжа (*P.alba*) тури устида олиб борилган тадқиқотлар шуни кўрсатдики, “қалқонсимон без” касаллигини даволашда қўлланилганда ижобий натижалар берган.

Potentilla туркуми вакиллари орасида бўёқ берувчи ўсимликлар ҳам бор. Масалан, *P.erecta* нинг илдизпоясидан темир купораси таъсирида қора бўёқ; кварц (чақмоқтош) билан эса қизил бўёқ; *P.alba* туридан сариқ бўёқ; *P.anserina* нинг поя ва баргидан сариқ бўёқ олишда фойдаланилади.

Қайд этилганлардан кўриниб турибдики *Potentilla*, туркумига мансуб турлар орасида халқ хўжалигининг турли соҳаларида ишлатилиши мумкин бўлган ўсимликлар ниҳоятда кўп.

**ИММУНОФЕРМЕНТ АНАЛИЗИ УСУЛИ ЁРДАМИДА
КАРТОШКА КЛОНЛАРИНИНГ КАРТОШКА Х-ВИРУСИГА
ЧИДАМЛИЛИК ДАРАЖАСИНИ АНИҚЛАШ**
Файзиев В.Б., Ваҳобов А.Ҳ.

Мирзо Улуғбек номидаги Ўзбекистон Миллий университети,
100174, Ўзбекистон, Тошкент ш., Талабалар шаҳарчаси
fvaxid@mail.ru

Қишлоқ хўжалиги амалиётида ўсимликларнинг касалликларга, айниқса вирусларга чидамли нав ва намуналарини аниқлаш муҳим аҳамият касб этади. Бу жараён дастлаб вирусга чидамли бошланғич намунани аниқлашдан бошланиб, инфекция фонди намуналарнинг чидамлилигини баҳолаш ва уларнинг чидамлилик даражасини аниқлаш каби босқичлардан иборат бўлиб, чидамлиликни баҳолашда сезгир усулларнинг қўлланилиши кўзга кўринмаган патогенларни ҳам аниқлаш имконини беради. Шунинг учун ушбу ишда турли картошка клонларининг картошка Х-вирусига (КХВ) чидамлилик даражаси иммунофермент анализи (ИФА) усули ёрдамида ўрганиб чиқилди. Бу ўз навбатида КХВга чидамли навларни яратиш ва вирусга қарши кураш чораларини ишлаб чиқишда муҳим ҳисобланади.

Картошка клонларининг вирусларга чидамлилик даражаси бир қатор муаллифлар ишлаб чиққан шкала асосида амалга оширилди, бунда иммун - касалланиш даражаси 0%, амалий чидамли – касалланиш даражаси 10%, кучсиз касалланувчи - касалланиш даражаси 25%, ўртача касалланувчи – касалланиш даражаси 50%, чидамсиз – касалланиш даражаси 50% дан юқори бўлган гуруҳларга бўлинади (Анасимов, 2009). Бунинг учун Ўзбекистон сабзавот, полиз экинлари ва картошкачилик илмий тадқиқот институти (ЎзСПЭ ва КИТИ) тажриба даласида экилаётган 20 та клонларнинг ҳар биридан алоҳида-алоҳида намуна олиниб, лаборатория шароитида ИФА ёрдамида текшириб чиқилди ва уларнинг КХВ билан касалланиш даражаси аниқланди ҳамда чидамлилик гуруҳларга ажратилди.

Олинган натижалар асосида, клонларнинг вирус билан касалланиш даражасининг энг куйи даражаси К-3, К-4, К-5 каби бир қатор клонларда 20% ни, К-1, К-2, К-10 каби клонларда 40% ни, К-6, К-7, К-11 каби ўндан ортиқ клонларда эса касалланиш даражасининг жуда юқори, яъни 50-100% гача эканлиги аниқланди. Юқорида ўтказилган текширишлар асосида клонлардан К-3, К-4, К-5, К-8, К-9

кабилар кучсиз касалланувчи (25% гача) гурухга, К-1, К-2, К-10, К-15, К-18 каби клонлар эса КХВ билан ўртача касалланувчи гурухга, К-6, К-7, К-11, К-12 каби клонлар эса вирус билан жуда кучли (50% дан юқори) касалланувчи гурухга мансублиги аниқланди.

Фоиз ҳисобида кўрсатадиган бўлсак, иммун ва амалий чидамли гурухга мансуб бўлган клонлар умуман учрамади, кучсиз касалланувчи ва ўртача касалланувчи клонларга уларнинг 25% мансублиги, қолган 50% клон эса бу вирусга чидамсиз эканлиги текширишлар натижасида аниқланди.

Умуман, олинган натижалар асосида текширилган клонлардан вирусга чидамли иммун бўлганлари умуман аниқланмади, аммо, К-3, К-4, К-5, К-8, К-9 каби кучсиз касалланувчи клонлардан келажакда селекционерлар янги навлар олишда фойдаланса, самарали натижаларга эришиш мумкин.

КУЛЬТИВИРОВАНИЯ *CAPPARIS SPINOSA.L.* В АРИДНЫХ ЗОНАХ РЕСПУБЛИКИ И ИЗУЧЕНИЕ ИХ ВЛИЯНИЕ НА МИКРОБНЫЙ ПЕЙЗАЖ ПОЧВЫ

Хамраева Н.Т.

Джизакский Государственный педагогический университет им.А.Кадири,
100720, г. Джизак, ул. Ш.Рашидова-4,
Nafisamubina2015@gmail.com

Средняя Азия - это основная часть мирового пространства, в которой 70% всей территории занимают земли знойной пустыни, такыры, пастбище, горные, предгорные зоны, большей частью которых не поддаются к ирригации, для освоения которых требуется научно-обоснованный подход.

Для усвоения аридных земель нами был выбран каперс- *Capparis spinosa.L* имеющий очень ценное и целебное значение, благодаря уникальному составу химических веществ, содержащиеся во всех вегетативных частей растения, что подтверждается Абу Али ибн Сина в знаменитом книге «Канон врачебной науки»

Исследовали рост, развития каперс и микрофлоры почвы под каперс естественной и искусственного роста, посаженные нами из семян и рассады дикой формы. Выявлены группы микроорганизмов, колонизирующие корневую систему по фазам развития растений и сезонам года. Установлена, что почва из естественного местообитания и посадки имеют богатую микрофлору (аммонификаторы, спорообразующих микроорганизмов, актиномицетов, грибов), обильное скопление которых происходила вокруг корней в зависимости от сезонов года. Обнаружено, что в разрезе почвы 0-15 см в весенний период количества микроорганизмов были высокими, среди которых доминирующими были актиномицеты, затем аммонификаторы и спорообразующие, далее – грибы. В разрезе естественной почвы под каперс глубиной 15-30 весной наблюдали уменьшение их число, особенно актиномицетов, которые сократились почти в 13 раз. Летом было отмечено резкий спад в количестве всех изучаемых микроорганизмов в обоих разрезах почвы под каперс. Показано, что осенний период также оказывает негативное влияние на численность актиномицетов и спорообразующих микроорганизмов. В обоих разрезах почвы, искусственного выращивания аммонификаторы имели большую численность, чем другие

микроорганизмы. Одним из самых распространённых форм спорообразующих бактерий были *Bacillus lidosus*, *Bacillus mesentericus*, *Bacillus mycoides*. Анализ численности микроорганизмов в различных разрезах почвы показывает, что большинство микроорганизмы – аэробы, поэтому их количество больше в 0-15 см слое почвы. Количество грибов почвы естественного местообитания каперс имели стабильный характер, чем другие микроорганизмы, т.к. разрезы почвы и сезоны года не оказывали сильное влияние на их численность. По видимому, ризосфера каперс, растущий в течение долгой времени в естественных условиях имеет более глубокую проникновение в почву, чем корни ново посаженных образцов. Доступ почвенных и минеральных элементов через глубокие корни питает не только растений, но и ризосферных микроорганизмов. Наиболее широко распространёнными были грибы из родов *Trichoderma*, *Fusarium*, *Aspergillus*, *Penicillium*, которые принимают активное участие в разрушении органических соединений почвы. Но среди грибов были патогенные виды, вызывающих болезнь не только каперс. но и других степных культур. С увеличением температуры и уменьшением влажности почвы, которое протекает летом и осенью их число резко сокращается и становится очевидным то, что поражение фитопатогенами множества растений происходит именно летом и осенью, для уничтожения которых следует использовать препараты именно в данные периоды года.

Установлено, что для активного роста как дикого, так и культивируемого видов растения каперс важное значения имеет микробный пейзаж почвы, которые в экстремальных степных условиях, где влажность почвы равна нулевому значению, а температура воздуха достигает 65-70 С, помогают им расти, доставляя питательных элементов почвы, фиксацией атмосферного азота, а также защищая растения каперс от действия фитопатогенов всего периода их вегетативного роста и плодоношения.

**ТУЗ СТРЕССИ ШАРОИТИДА *Azotobacter* АВЛОДИГА МАНСУБ
БАКТЕРИЯЛАРНИНГ ЎСИШИ, РИВОЖЛАНИШИ**
Хасанов Р.Қ.

ЎЗР ФА Генетика ва ЎЭБИ,
Тошкент вилояти, Қибрай тумани, Юқори Юз
rasul5854503@mail.ru

Тупроқ шўрланиши Ўзбекистон қишлоқ хўжалигидаги долзарб муаммолардан бири ҳисобланади. Кейинги статистик маълумотларга кўра, Ўзбекистонда 3,2 млн. га суғориладиган ерлар у ёки бу даражада шўрланган. Бу кўрсаткич умумий суғориладиган ерларнинг 62,7 % га тўғри келади. Шўрланган тупроқларда NaCl нинг ўртача миқдори 20-40 мМни ташкил этса, айрим ерларда бу кўрсаткичнинг кескин кўтарилиши кузатилади [1].

Azotobacter авлодига мансуб бактерияларни ажратиш, уларнинг биологик хусусиятлари, дон-бошоқли ўсимликлар билан ассоциацияси [2], фитогормонлар – ауксинлар (индол бирикмалари), гиббереллин табиатли моддалар (ГТМлар), цитокининлар [3], қуйи молекуляр оксил табиатли ва антифунгал бирикмалар синтези қийин эрувчан фосфатларнинг эритилиши тадқиқ этилганлигини кўрсатади.

Ўзбекистон Республикаси шароитда стресс, жумладан шўрланишнинг бактерияларга бевосита таъсири айрим муаллифларнинг ишларида ўрганилган. Аmmo шўрланиш, турли пестицидлар ҳамда айрим оғир металлларнинг микроорганизмлар, хусусан *Azotobacter* авлоди вакилларида фитогормонлар синтезланишига таъсири кам тадқиқ этилган.

Мазкур тадқиқотлардан кўзланган мақсад Ўзбекистоннинг турли шўрланишли тупроқларидан ажратилган *Azotobacter* авлодига мансуб, молекуляр азот ўзлаштирувчи, фитогормонал фаол ва шўрланишга чидамли бактерия штамmlарининг турли шўрланиш шароитларида ўсиши ҳамда индол-3-сирка кислота (ИСК) синтези ва ацетиленредуктаза фаоллигини ўрганишдан иборат.

Штамmlарнинг шўрланишга чидамлилигини аниқлаш учун адабиёт манбаси [1] да келтирилган усул асосида амалга оширилди. Штамmlар таркибида 50 мМдан 1 Мгача NaCl сақлаган суюқ ҳамда қаттиқ Эшби озуқа муҳитида 28-300С ҳароратда 7 кун давомида ўстирилиб, штамmlарнинг ўсиши кузатилди. Суюқ озуқа муҳитларида култура суюқлигининг ўзгариши, қаттиқ озуқа муҳитларида эса колонияларнинг ҳосил бўлиши, ўлчамлари, ранги, ўзига хос шиллиқ ҳосил қилишлари ва хужайра титри асосида штамmlарнинг муайян бир шўрланиш шароитларида яшай олишлари ҳулоса қилинади.

ФОЙДАЛАНИЛГАН АДАБИЁТЛАР РЎЙХАТИ

1. Абдуллаев А.К., Бактерии рода *Azospirillum* в засоленных почвах Узбекистана: Дис. канд. биол. наук. – Ташкент: Институт Микробиологии АН РУз, 2006. – 6 с.
2. Agrios, G.N. Plant Pathology. – New York: Academic, 1997. – p. 123.
3. Rishi Kumar Behl, Neeru Narula, Manjuda Vasudeva, Atsuya Sato, Takuro Shinano and Mitsuri Osaki. Harnessing wheat genotype x *Azotobacter* strains interactions for sustainable wheat production in semi arid tropics // TROPICS. – 2006.- vol. 15(1). – p. 121-133.

ПРЕИМУЩЕСТВА ИНТЕГРИРОВАННОГО ПОДХОДА К ПРОЦЕССУ МИКРОРАЗМНОЖЕНИЯ КАРТОФЕЛЯ

Холмуратов Э.Г., Насырова Г.Б., Мирзаганиев М.М.

Институт биоорганической химии им. акад. А.С. Садыкова АН РУз,
100125, Узбекистан, г. Ташкент, ул. Х. Абдуллаева, д. 83

[biorast50@mail.ru](mailto: biorast50@mail.ru)

Процесс микроразмножения лежит в основе получения исходного оздоровленного материала для производства семенного картофеля. Микроразмножение, в случае картофеля, может подразумевать как просто получение регенерантов на основе микрочлониования инициацией к росту латеральных и апикальных меристем, так и инициацию процесса клубнеобразования у регенерантов. В любом случае основой микроразмножения является процесс микрочлониования. Как правило, при производстве исходного оздоровленного материала картофеля используемые техники *in vitro* ориентированы только на один из двух указанных способов, так как каждый из них базируется на специфических приемах, направленных либо на микроразмножение, либо на получение микроклубней. Однако на практике приходится сталкиваться с таким понятием, как готовность инфраструктуры, предназначенной для репродукции исходного

материала, полученного *in vitro* – это или изолированная теплица, функционирующая на протяжении круглого года, или только полевые условия, зависящие, как и в случае Узбекистана, от сельскохозяйственного сезона. Для условий Узбекистана наиболее целесообразным является производство исходного безвирусного материала в виде микроклубней, так как для них обязателен период покоя, что позволяет накопить их в течение года в определенном количестве к периоду посадки.

Для производственного процесса необходима стандартизация всех процессов, направленных на получение продукта, то есть в случае картофеля это растения или микроклубни. Также разработка условий, позволяющих в одном цикле размножения объединить процесс микроклонирования и получения микроклубней, не только упрощает производственный процесс, но и значительно повышает его эффективность.

На основе определения морфофизиологического потенциала экспланта – микрочеренков прикорневого, средних и апикального ярусов растений – регенерантов, оптимизации гормонального состава для культивирования и определения влияния длительности и интенсивности освещения при культивировании была разработана достаточно эффективная технология микроразмножения и получения микроклубней. Так, было определено, что прикорневой ярус с корневой системой и одной латеральной почкой при определенном световом режиме культивирования целесообразнее всего использовать для получения микроклубней, средние ярусы – для микрочеренкования, апикальный ярус – или для регенерации и получения растения, или, при изменении гормонального режима, также для получения микроклубней. Разработанный подход позволяет объединить в одном цикле процессы размножения и получения микроклубней для любого генотипа картофеля и, что немаловажно, синхронизировать эти процессы. Синхронизация процессов – основа стандартизации производства. Манипуляции со сроками культивирования исходного экспланта при стандартных процессах позволяет определить схемы микроразмножения и получения микроклубней, соответственно количество расходных материалов, занятости специалистов, в зависимости от требуемого количества к периоду посадки и особенностей условий дальнейшего репродуцирования материала, полученного *in vitro*.

МЕЛАНИН СИНТЕЗ ҚИЛУВЧИ *BACILLUS THUINGIENSIS* БАКТЕРИЯСИ ШТАММЛАРИНИ ОЛИШ

Хужамшукуров Н.А., Халилова Г.М., Пулатходжаева З.Х.

Тошкент кимё-технология институти,
100011, Ташкент, Навоий кўчаси, 32 уй
nkhujamshukurov@mail.ru

Айни вақтда эса олимларнинг асосий эътибори биотехнологик йўл билан экологик тоза, ўсимликлар ўсишини бошқарувчи – стимуляторлар яратиш ва уларни амалиётга кенг жорий этишга қаратилмоқда. Меланинларнинг ўсимликшуносликда қўлланилишини тадқиқ этиш ва унга баҳо бериш, шунингдек, аниқ биологик фаоллик ва кенг таъсир доирасига эга бўлган сувда эрувчан меланинлар синтез

қилувчи бактериал штамм-продуцентларни излаб топиш ва уларни амалиётга жорий этиш ўта муҳим. Шу боисдан *Bacillus thuringiensis* (Bt) энтомопатоген бактерияси асосида меланин синтез қилувчи мутантлар олиш ва уларнинг меланин синтез қилиш қобилиятини ўрганилди.

Янги авлод биопрепаратини ишлаб чиқариш учун асос сифатида Bt бактериясининг меланин синтез қилиш хусусияти асос қилиб олинди. Битта штаммда иккита инсектицид ва меланин синтез қилиш хусусиятларининг намоён бўлиши штаммининг ҳосил қилган спора кристалларининг куёш нури таъсирида ўз фаоллигини йўқотишининг олдини олиш имконини беради. Ушбу биопрепаратдан ўсимликлар ўсишини бошқариш воситаси сифатида ҳам фойдаланиш мумкин.

Bacillus thuringiensis var. *thuringiensis* СКБ-45 коллекцион ҳамда *Bacillus thuringiensis* var. *thuringiensis*-M1th мутант штаммлари қиёсий ўрганилганда, намунавий штаммга нисбатан мутант штаммда инсектицид фаоллик, спора кристаллар ҳосил бўлиш давомийлиги, спора-кристаллар нисбати ўзгарган бўлсада, ҳар иккала штаммининг пигмент ҳосил қилмаслиги кузатилди. Озуқа таркибида 0,10-0,25% ли N-нитроэтилмочевина мутагени мавжуд бўлганда *Bac. thuringiensis* var. *thuringiensis* СКБ-45 коллекцион штаммининг яшовчанлик қобилияти кескин ўзгарганлиги аниқланди (90,47%, 70,95%). Ушбу микдордаги мутаген таъсирида культуранинг алоҳида колонияси, хужайра, спора ва кристаллар морфологиясида сезиларли ўзгариш вужудга келмаганлигини кўрсатди. Мутацияга учраш частотаси эса $0,18 \times 10^{-4} \pm 3,52$ ни ташкил этиб, бу колонияларда хужайранинг ферментация жараёни бир қадар тезлашганлиги кузатилди. Бунда культураларнинг яшовчанлик хусусияти $17,35 \pm 2,55$ % ни ташкил этиб, мутацияга учраш ҳолати $1,8 \times 10^{-4} \pm 2,57$ % ни ташкил этганлиги қайд этилди. Мутант штамм алоҳида колониялари ферментация жараёни табиий штаммга нисбатан 12-15 соатга қисқарганлиги аниқланди. 0,75% микдордаги мутагенли озик муҳитига экилган культураларда тўлиқ морфологик ўзгариш ва қорамтир рангдаги пигмент ҳосил қилиши кузатилди. Бунда культуранинг яшовчанлик қобилияти $1,48 \pm 3,52$ % ни, яъни мутацияга учраш даражаси $4,0 \times 10^{-4} \pm 2,88$ ни ташкил этганлиги аниқланди. Культураларнинг яшовчанлик қобилияти билан мутацияга учраш частотаси ўртасида корреляция мавжудлиги қайд этилди. Ушбу олинган натижалар 400, 500, 600 nm тўлқин узунлигида нур ютиш қобилиятини ўрганиш давомида ҳам тасдиқланди. Улар асосида тайёрланган культурал суяқлик асосида препарат тайёрланиб ($2,5 \times 10^9$ мл/хужайра) мум куясига қарши инсектицид фаоллиги ўрганилди. Пигмент ҳосил қилувчи мутант штаммлардан *Btms* мутант штамми 70,2% биологик фаоллик кўрсатиши, шу вақтда касалланган личинкалар микдори 1,2% ни ташкил этганлиги, *Btms-1* мутант штамми 94,8% биологик фаоллик кўрсатиши, бунда касалланган личинкалар микдори 2,2% ни ташкил этиши, *Btms-2* мутант штамми эса 91,2% биологик фаоллик кўрсатиб, касалланган личинкалар микдори эса 2,6% ни ташкил этганлиги қайд этилди. Илмий манбалардан маълумки, биологик фаоллиги 85-86% дан кам бўлган продуцент ёки штаммлар кейинги тадқиқот объектлари сифатида қабул қилинмайди. Шу боисдан меланин ҳосил қилувчи *Btms-1* мутант штамми инсектицид ва биостимуляторлик хусусиятли биопрепарат ишлаб чиқариш учун продуцент сифатида тавсия этилди.

ВЛИЯНИЕ КОМБИНИРОВАННОГО БАККОНЦЕНТРАТА НА КАЧЕСТВО СЫРОКОПЧЕНЫХ КОЛБАС

В последнее десятилетие значительно расширился рынок ферментированных пищевых продуктов, в технологии приготовления которых молочнокислые бактерии выполняют принципиально важные функции, определяющие характерные особенности и качество конечного продукта.

В пищевой промышленности наметилась тенденция применять стартовые культуры с комплексом стабильных свойств, обеспечивающих целенаправленное протекание процесса выработки ферментированных пищевых продуктов, в том числе со сложным сырьевым составом.

Для снижения жесткости мясного сырья с повышенным содержанием соединительной ткани в настоящее время актуальным является применение биотехнологических способов обработки такого сырья, например, с помощью ферментных препаратов и пробиотических культур, обладающих протеолитической активностью, способных частично гидролизовать белки мяса с повышенным содержанием соединительной ткани. Наиболее перспективными являются бактериальные препараты с использованием представителей нормальной микрофлоры человека, применяемые в технологии мясопродуктов в виде производственных заквасок и сухих препаратов. Микроорганизмы, внесенные с заквасками, изменяют структуру колбасных изделий, образуя новые вещества, способствующие улучшению качественных показателей продукта.

Технологическое действие микроорганизмов связано с образованием специфических биологически активных компонентов: органических кислот, бактериоцинов, ферментов, витаминов и других веществ, что способствует улучшению санитарно-микробиологических, органолептических показателей готового продукта и позволяет интенсифицировать производственный процесс. Наиболее распространенными пробиотическими микроорганизмами являются: - бифидобактерии (*Bifidobacterium bifidum*, *Bifidobacterium adolescentis*, *Bifidobacterium infantis*, *Bifidobacterium longum*); - лактобактерии (*Lactobacillus acidophilus*, *Lactobacillus bulgaricus*, *Lactobacillus sake* (*Lactobacillus sakei*), *Lactobacillus curvatus*, *Lactobacillus casei*); - грамположительные кокки (*Streptococcus thermophilus*, *Enterococcus faecium*).

С помощью молочнокислых бактерий происходят биохимические превращения основных компонентов мясных изделий с образованием соединений, обуславливающих вкус, аромат, консистенцию, подавляется развитие вредной и патогенной микрофлоры за счет образования различных веществ, обладающими антимикробным действием. Бактериальные культуры влияют на консистенцию продукта, благодаря их протеолитической активности и понижению рН среды. Чем сильнее развивается протеолиз в мясных изделиях, тем нежнее становится сам продукт.

Использование стартовых культур - важнейший биотехнологический фактор формирования качества сырокопченых колбас. Сырокопченые колбасы являются одним из самых древних видов колбас. Эти колбасы отличаются от других сравнительно плотной консистенцией, приятным специфическим острым запахом и вкусом. В процессе сушки продукт обезвоживается, поэтому сырокопченые колбасы

характеризуются небольшим содержанием влаги, значительным количеством жира и белка, за счет чего обладают высокой энергической ценностью.

Критериями качества сырокопченых колбас являются внешний вид, консистенция, вкус и, конечно же, срок хранения. По традиционной технологии процесс созревания сырокопченых колбас длится 8-12 недель, что требует дополнительных площадей, строжайшего соблюдения температурных и влажностных режимов в камерах, высокой квалификации обслуживающего персонала. Новые технологии сырокопченых колбас предусматривают использование многофункциональных добавок, содержащих специальные штаммы микроорганизмов направленного действия (стартовые культуры), которые регулируют биохимические процессы, формирующие качество готового продукта.

В связи с этим, вызывает особый интерес применение в качестве стартовых культур пробиотических заквасок на основе бифидо- и пропионовокислых бактерий.

Сырокопченые колбасы, изготовленные с применением пробиотических микроорганизмов в роли стартовых культур, хорошо сбалансированы по аминокислотному составу и относятся к продуктам с высокой биологической ценностью.

При использовании комбинированных пробиотиков на основе бифидобактерий и пропионовокислых бактерий в качестве стартовых культур сумма незаменимых аминокислот в опытном образце колбас после выработке выше контрольных на 30%, после хранения больше на 20% по сравнению с контролем.

В процессе хранения происходит снижение массовой доли влаги во всех образцах колбас, при этом увеличивается содержание хлорида натрия.

При использовании комбинированного пробиотиков на основе бифидо- и пропионовокислых бактерий заметно увеличивается содержание терпенов, лактонов, спиртов и веществ фенольного ряда, которые вносят дополнительный вклад в усилении свойственного аромата сырокопченых колбас.

Применение комбинированной закваски способствует интенсификации процесса созревания и сушки сырокопченых колбас, сокращению содержания в них остаточного нитрита натрия, активному росту содержания витамина В12.

БИОЛОГИЧЕСКАЯ АКТИВНОСТЬ БЕЛКОВЫХ КОМПОНЕНТОВ ПОВИЛИКИ

Кахарова К.А., Хашимова З.С., Сагдиев Н.Ж.

Институт биоорганической химии им. акад. А.С. Садыкова АН РУз
100125, Узбекистан, г. Ташкент, ул. Х. Абдуллаева, д. 83
ibchem@uzsci.net

Наш интерес к повилики обусловлен необходимостью в высоко активном цитотоксическом веществе, эффективном против раковых клеток для дальнейшего создания опухоль - адресованного терапевтического средства.

В последние годы появился целый ряд работ по выделению и характеристики активного химического начала из повилики (*Cuscuta*), названный авторами кускутные кислоты – А и Д, а также гликопротеидов.

В составе экстракта повилики китайской (*Cuscuta chinensis*) обнаружены противоопухолевые вещества гликозидподобной природы.

Целью данной работы является изучение цитотоксической активности лектинподобных гликопротеидов, выделенных из семян повилики, произрастающих в Средней Азии на клетках рака молочной железы С₁₂₇.

В качестве растительного сырья использовали семена повилики (*Cuscuta europa*) произрастающие на луговых травах.

Лектиноподобные белки (ЛПБ) были выделены из семян повилики путем экстракции солевым раствором с последующим ступенчатым высаливанием сульфатом аммония до конечной концентрации 20 и 50%. После центрифугирования полученные супернатанты были обозначены С₂₀ и С₅₀ и осадки – ЛПБ₂₀ и ЛПБ₅₀ диализованы против дистиллированной воды, лиофильно высушены и использованы для дальнейшей работы. Белки охарактеризованы электрофоретически.

Содержание белка определяли по методу Лоури. Содержание общих сахаров определяли антрон-серноокислотным методом. Оценку гемагглютинирующей активности лектинов проводили путем постановки реакции гемагглютинации в иммунологических планшетах.

Установлено, что наибольшую гемагглютинирующую активность проявляли фракции ЛПБ₂₀ и ЛПБ₅₀, специфичность к углеводам глюкозе и маннозе проявила фракция ЛПБ₅₀.

Цитотоксическая активность полученных фракций определена с помощью МТТ-теста и подсчету живых клеток. Установлено, что наибольшую цитотоксическую активность проявили суммарная фракция и фракции ЛПБ₂₀ и ЛПБ₅₀ – 73,6, 75,0 и 76,0% при дозе белка 100 мкг/мл, а также фракции ЛПБ₂₀ и ЛПБ₅₀ – 51,2 и 64,2% при дозе белка 10 мкг/мл, соответственно. Аналогичные результаты получены при подсчете клеток трипановым синим.

Таким образом, лектиноподобные белки *Cuscuta europa* проявляют цитотоксическую активность в культуре клеток С₁₂₇

ВЛИЯНИЕ ВЛАЖНОСТИ ПОЧВЫ НА ПРОРАСНАНИЕ СЕМЯН ЮВЕНИЛЬНЫХ РАСТЕНИЙ

Камалова М.Д

Узбекский государственный университет мировых языков
100138, Узбекистан, Ташкент, Учтепинский р-он, ул. Малая кольцевая, 21А
kamalova_manzura@mail.ru

При изучении адаптации растений к различным экологическим факторам (засуха, влажность, тепло, свет и др.) многие исследователи придают значение засолению. Засоленность почвы для большинства растений является отрицательным фактором – замедляется прорастание семян, рост проростков, изменяется анатомическое строение.

Для прорастания семян необходимо наличие трех основных факторов: влаги, кислорода, и определенного уровня температуры. В наших опытах в отличие от других исследованиях придавали значение отдельным солям, а также температуре. Температура является ведущим фактором при прорастании семян, от которого зависит всхожесть семян. Семена четырех популяций солодки прорастивались в различных концентрациях солей. Соли подбирались по действию анионов и

катионов. При концентрации 0,30М наибольшая всхожесть по сравнению с другими популяциями отмечена у кегейлийской популяции – солодки голой 21,0%, наименьшая у муонкумской популяции – солодки уральской – 10,4%. Дальнейшее повышение концентрации солей вызывает задержку в набухании и в скорости прорастания семян. Концентрация 0,45М оказалась летальной для семян бекабадской популяции – они полностью сгнили, у муонкумской популяции всхожесть резко снизилась, а у кегейлийской и гобийской она была еще довольно высокой. Процесс прорастания семян непосредственно связан с их набуханием. Установлено, что набухание семян является сложным и последовательно проходящим 3 фазы у всех растений. Полученные результаты показывают, что уже в первой фазе набухания семян между NaCl и контролем имеется некоторое отличие. Это означает, что были различия в водопоступлении за счет матричных сил клеточных стенок и субстрата семени. Во второй фазе набухания тоже наблюдается аналогичная картина. Третья фаза характеризуется началом видимого прорастания. Проращиванием семян солодок в растворах поваренной соли при 15⁰С установлено, что уже самая низкая концентрация соли снижает всхожесть семян почти у всех популяций (кроме гобийской). Пороговой концентрацией, при которой резко падает всхожесть семян для бекабадской и муонкумской популяций оказалась 0,30М, для кегейлийской – 0,45М, гобийской – 0,60М. Наименее устойчивой к такому проращиванию оказалась бекабадская, наиболее устойчивой – гобийская популяция.

Неожиданные результаты были получены при проращивании семян в растворах сернокислого натрия – он оказался для солодки токсичным, чем хлористый натрий. Для всех популяций, кроме гобийской, концентрация 0,30М оказалась пороговой, а 0,45М – летальной. Для солодки из Монголии летальной концентрацией было 0,60М. При концентрации 0,45М у нее, взошли всего 8,5±0,2% семян. Такой последовательностью можно выстроить их ряд по солеустойчивости: гобийская, кегейлийская, муонкумская и бекабадская. Семена гобийской популяции прорастали еще при 0,60М растворе хлористого магния, тогда как для семян бекабадской популяции концентрации этой соли 0,30М при температуре 15⁰С оказалась летальной. Средневзвешенное время прорастания с увеличением концентрации соли почти во всех случаях увеличивается, достигая уровня 16 дней у бекабадской популяции при концентрации 0,15М, у гобийской – 0,60М.

Проращивание семян солодок в растворах сернокислого магния показало, что при концентрации 0,15М наибольшая всхожесть семян у муонкумской и кегейлийской популяций – 24,7 – 20,2%. Время прорастания наибольшее у кегейлийской и наименьшее у гобийской популяции. Энергия прорастания у всех популяций колеблется от 1,4 до 3,2. Концентрация 0,45М оказалась для муонкумской и кегейлийской популяций пороговой, т.к. всхожесть солодки при такой концентрации резко снизилась, а дальнейшее увеличение концентрации приводило к потере всхожести семян.

НЕКОТОРЫЕ СВОЙСТВА МЕСТНЫХ ШТАММОВ ДИАЗОТРОФОВ

Кадырова Г.Х., Шакиров З.С., Сафаров И.В., Хамдамова Н.А.,
Абдуллаев А.К.

Институт микробиологии, Академии Наук Республики
kadirovagul@mail.ru

Диазотрофы - микроорганизмы, способные усваивать молекулярный азот атмосферы и переводить его в доступную для растений форму. Многие сельскохозяйственные растения решают проблему нехватки азота, вступая в симбиотические отношения с диазотрофами. Некоторые бактерии предпочитают обитать в прикорневой зоне, создавая ассоциативные связи с корнями, например азоспириллы. Есть свободноживущие азотфиксаторы, например азотобактер и цианобактерии, которые обогащают почву доступным для растений азотом. Например, на рисовых полях свободноживущие цианобактерии фиксируют 30–50 кг молекулярного азота на 1 га в год.

Целью данного исследования являлось изучение антагонистических и ассоциативных свойств местных штаммов диазотрофов для применения биопрепарата на их основе в рисоводстве Республики.

Существующие методы исследования антагонизма в условиях межмикробных отношений основаны на принципе сокультивирования взаимодействующих бактерий. Известно, что бактериальная продукция различных антимикробных веществ подвержена микробной регуляцией и определяет взаимодействие между микроорганизмами в ассоциациях, способствуя стимуляции бактериального антагонизма. К сожалению, антагонистические свойства бактерий при межмикробных отношениях, в частности, в микросимбиозе, между доминантными и ассоциативными микроорганизмами, недостаточно охарактеризованы.

Исходя из вышесказанного, нами были изучены антагонистические свойства местных штаммов диазотрофов. Для исследований отобраны активные азотфиксирующие и фитогормонпродуцирующие местные штаммы диазотрофов: *Nostoc calcicola* 25, *N. muscorum* 14, *Anabaena variabilis* 21, *Azospirillum brasilense* A13-5, *A. brasilense* A13-8, *A. brasilense* A4-1, *Azotobacter* sp.17, *A. chroococcum* 44, *A. chroococcum* 18. Было выявлено, что изученные штаммы рода *Azospirillum* и *Azotobacter* не оказывали антагонистическую активность на рост и развитие тест культур цианобактерий *N. calcicola* 25, *N. muscorum* 14 и *N. linckia* 4 в течение 2-3 сут культивирования. В случае *A. chroococcum* 44 выявлено незначительное стимулирующее действие на рост тест культуры цианобактерий *N. calcicola* 25. Вероятно, данная культура выделяет в среду комплекс веществ, и данные метаболиты стимулирует рост и развитие цианобактерий.

Также нами были изучены ассоциативные свойства ассоциации местных штаммов диазотрофов. В лабораторных условиях ассоциацию диазотрофов (*A. brasilense* A13-5, *N. calcicola* 25, *A. chroococcum* 44) культивировали в течение 3 сут. Слдует отметить, что титр клеток в начале эксперимента составлял 10⁴ кл/мл. В конце эксперимента изучали рост и развитие культур диазотрофов в ассоциации. Так, титр клеток диазотрофов *A. brasilense* A13-5, *N. calcicola* 25 и *A. chroococcum* 44 в ассоциации составлял: 2,3x10⁸ кл/мл; 3,2x10⁷ кл/мл и 1,8x10⁷ кл/мл, соответственно. В природных условиях диазотрофы развиваются и фиксируют молекулярный азот атмосферы в ассоциациях с сопутствующей их микрофлорой, которая обитает в их слизистых образованиях.

Таким образом, на основе взаимной стимуляции антагонистических и ассоциативных свойств изученных микроорганизмов предложена новая комбинация диазотрофных бактерий рода *Azospirillum*, *Azotobacter* и *Nostoc* для применения в сельскохозяйственной практике, в частности в рисоводстве Республики.

***IN PLANTA* ТРАНСФОРМАЦИЯ МЕСТНЫХ СОРТОВ ХЛОПЧАТНИКА**
Рузибаев Х.С., Исломов А.Б, Пратов Ф.Ф., Нуриддинов А.Ш., Убайдуллаева Х.А.,
Мамаджанов А., Имамходжаева А.С.

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

В связи с растущей проблемой питания постоянно пополняющегося населения планеты перед учеными поднимается задача создания новых более высокоурожайных, и одновременно с этим устойчивых к различным неблагоприятным условиям окружающей среды и устойчивых к заболеваниям сортов сельскохозяйственных культур. Современные сорта сельскохозяйственных растений должны обладать не хорошими качествами урожая и к тому же обладать достаточным потенциалом адаптации к неблагоприятным факторам внешней среды.

Применение технологии рекомбинантных ДНК позволяет выделять гены и значительно расширяет возможности манипулирования генетическим аппаратом с целью получения новых усовершенствованных сортов сельскохозяйственных культур. Результаты генетической инженерии растений во многом зависят от разработки методов культуры тканей, особенно методик регенерации различных растений. Однако не все культуры одинаково хорошо регенерируют. Это одна из причин поиска альтернативных методов генной инженерии и биотехнологии, при которых сводится к минимуму культивирование тканей. Поэтому проводится активная разработка подходов для осуществления трансформации методом *in planta*. Метод *in planta* впервые использовался на львином зеве. Его эффективность доказана в работах с арабидопсисом. Интересен способ получения трансгенных растений сорго. Данная методика позволяет получать биоинженерные растения, минуя системы культуры *in vitro*, что существенно снижает производственные и временные затраты. Нами проводится оптимизация метода *in planta* для создания новых генотипов хлопчатника. Осуществлена трансформация местных сортов хлопчатника (Бухоро 102, Ан-Баявут-2, Аккурган, Султон и Сокер-312, а также М-315) специально созданной конструкцией с генами фитохрома A1 и гены *esk*. На сегодня получено первое поколение, высеянное на экспериментальном участке Центра. Далее будет проведен анализ всхожести и на основе молекулярного анализа будет проведена селекция.

СОДЕРЖАНИЕ

I. ГЕНОМИКА, ПРОТЕОМИКА, БИОИНФОРМАТИКА

1. Абдурахимов А.А.¹, Турдикулова Ш.У.^{1,2}. Далимов Д.А.^{1,2}, Мирхайдарова М.Д.¹. Мухамадова Д.Ш.^{1,3}. *HELICOBACTER PYLORI* 23S рРНК ГЕНИНИНГ 2142 ва 2143 УЧАСТКАЛАРИДАГИ МУТАЦИЯЛАРНИ АНИҚЛАШ.....3
2. Алланазарова Б.Р., Ассесорова Ю.Ю., Мустафина Л.К., Юсупова С.А. МОДИФИКАЦИЯ СТАНДАРТНОЙ МЕТОДИКИ ЦИТОГЕНЕТИЧЕСКОГО АНАЛИЗА У БОЛЬНЫХ ЛЕЙКОЗОМ.....4
3. Аллабердиев Р.Х.¹, Камалова М.Д.² ИССЛЕДОВАНИЕ ЭКЗИН-АССОЦИИРОВАННЫХ БЕЛКОВ ПЫЛЬЦЕВЫХ ЗЁРЕН ПРЕДСТАВИТЕЛЕЙ РАЗНЫХ РОДОВ СЕМЕЙСТВА MALVACEAE.....5
4. Абдираимова Х.М., Рузйбаев Х.С., Ахмедов М., Мамаджанов А., Имамходжаева А.С. О ПОЛУЧЕНИИ СОРТОВ ХЛОПЧАТНИКА ПОРЛОК БЕЗ МАРКЕРНОГО ГЕНА *NPTII*.....6
5. Абилова Ж.^{1,2}, Калиева А.², Бекбосынова М.³, Абдирова Б.³, Нуралинов О.³, Нажат Д.³, Акильжанова А.¹ СКРИНИНГ МУТАЦИЙ ГЕН *HRUR2* В КАЗАХСКОЙ ПОПУЛЯЦИИ.....8
6. Абдугафурова Д.Г., Кадырова Д.А. НАРУШЕНИЕ ЭПИГЕНЕТИЧЕСКОЙ РЕГУЛЯЦИИ ГЕНОВ ПРИ КЛЕТОЧНОМ СТАРЕНИИ И НОВЫЙ ПОДХОД К ИЗУЧЕНИЮ.....9
7. Абдугафурова Д.Г., Якубова Р.А. ГЕНОМНАЯ НЕСТАБИЛЬНОСТЬ, КАК ПРИЧИНА КЛЕТОЧНОГО СТАРЕНИЯ.....10
8. Абдурахманова Н.Н, Султонова Ш.Х., Эргашева Ш.К., Яриев А.А. АНАЛИЗ РОЛИ ПОЛИМОРФНОГО ВАРИАНТА rs2740574 ГЕНА *CYP3A4* В РАЗВИТИИ ХРОНИЧЕСКОГО МИЕЛОИДНОГО ЛЕЙКОЗА.....11
9. Адилова Ш.Ш., Шавкиев Ж.Ш. ОПТИМИЗАЦИЯ МЕТОДА ВЫДЕЛЕНИЯ ДНК ИЗ ЗЕРНА МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ *T. AESTIVUM*.....13
10. Ахметова А.Ж.¹, Абилова Ж.М.¹, Бекбосынова М.С.², Panzitt К.³, Trajanoski S.³, Guelly С.³, Акильжанова А.Р.¹. ПОДГОТОВКА НОВОЙ HALOPLEX КАРДИОГЕНЕТИЧЕСКОЙ ПАНЕЛИ ДЛЯ ТАРГЕТНОГО СЕКВЕНИРОВАНИЯ АРИТМИЙ.....14
11. Азимов А.А., Аюбов М.С., Адылова А.Т. ДИСПЕРСИОННЫЙ АНАЛИЗ КАЧЕСТВА ВОЛОКНА НЕКОТОРЫХ ЛИНИЙ ХЛОПЧАТНИКА.....14
12. Амиров О.О., Сафаров А.А., Каримова Р.Р., Кучбоев А.Э. КАВШ ҚАЙТАРУВЧИ ҲАЙВОНЛАР ЭНДОПАРАЗИТИ МАРШАЛЛАГИА ЕМАТОДАЛАРИНИНГ ПОЛИМЕРАЗА ЗАНЖИРЛИ РЕКЦИЯ ЁРДАМИДА АНИҚЛАШ (ПЦР-ДИАГНОСТИКА).....16
13. Артыкбаева Г.М., Мамаджанов А., Ялалова И.Р., Салихов Р.С. КОМПЬЮТЕРНЫЙ АНАЛИЗ СТРУКТУРЫ ФРН.....18
14. Артыкбаева Г.М., Ялалова И.Р., Хашимова З.С., Мамадрахимов А.А., Мамаджанов А. ИНГИБИРОВАНИЕ ТИРОЗИНКИНАЗНОГО РЕЦЕПТОРА МЕТ КУМАРИНОМ И КАМФЕРОЛОМ.....19
15. Ayubov MS*, Usmonov DE, Norov TM, Mirzakhmedov MK, Akhmedov MS, Islomidinov Z, Tolibova Z, Ubaydullaeva KA, Buriev ZT, prof. Abdurakhmonov IY. TRANSCRIPTION FACTOR - *HY5* GENE REGULATES PHOTOMORPHOGENESIS AND IMPROVED PLANT POTENTIAL.....20

16. Бобожанова Ф.И., Маматкулова Ш.Х., Омаров С.А., Исломов А.Б., Рахманов Б.К., Резаева Б.Р., Убайдуллаева Х.А., Буриев З.Т. ГЕН НОКАУТ ТЕХНОЛОГИЯСИ ЁРДАМИДА ОЛИНГАН МИКРО ТУГАНАКЛАРДАН КАРТОШКА ЕТИШТИРИШ.....	20
17. Буриев З.Т., Рахманов Б.К., Убайдуллаева Х.А., Шерматов Ш.Э., Абдурахмонов И.Ю. ҒЎЗА ЎСИМЛИГИНИ БИСУЛЬФИТ УСУЛИ ЁРДАМИДА ЭПИГЕНЕТИК ТАДҚИҚ ЭТИШ.....	22
18. Гульмухамедов П.Б., Худанов Б.О., Йулдашева Н.Г., Зоиров Ш.Г. АНАЛИЗ РОЛИ НЕКОТОРЫХ ГЕНОВ ПРОВΟΣПАЛИТЕЛЬНЫХ ЦИТОКИНОВ В ПАТОГЕНЕЗЕ И КЛИНИЧЕСКОМ ТЕЧЕНИИ ПАРОДОНТИТА В УЗБЕКИСТАНЕ.....	23
19. Гузалова А. Г., Ҳасанов Б. А., Бабаханова М., Новичкова А.А., Мухсинов Н. ОПРЕДЕЛЕНИЕ ФАКТОРОВ ПАТОГЕННОСТИ ERWINIA AMYLOVORA (BURRILL) WINSLOW ET AL.....	24
20. Гузалова А. Г., Ҳасанов Б. А., Бабаханова М., Новичкова А.А., Мухсинов Н. МЕТОДЫ ИДЕНТИФИКАЦИИ ERWINIA AMYLOVORA (BURRILL) WINSLOW ET AL.....	25
21. Дарманов М.М., Макамов А.Х., Тўраев О.С., Туланов А.А., Н.Н.Хусенов, Мирзаёкубов К.Э., Кушанов Ф.Н., Буриев З.Т., Абдурахмонов И.Ю. РАВНАҚ-1 НАВИДА ЎТКАЗИЛГАН QTL ЭФФЕКТИНИ СТАТИСТИК ТАҲЛИЛЛАР ЁРДАМИДА БАҲОЛАШ.....	27
22. Дарманов М.М., Тураев О.С., Макамов А.Х., Ходжаева У. Норбеков Ж.К., Кушанов Ф.Н., Абдурахмонов И.Ю. МАС УСУЛЛАРИДАН ФОЙДАЛАНИБ ҒЎЗАДА ТОЛАНИНГ ЭЛОНГАЦИЯ ПАРАМЕТРИНИ ЯХШИЛАШ.....	28
23. Жабагин М., Турдикулова Ш., Сабитов Ж., Схаляхо Р., Юсупов Ю., Балаганская О., Далимова Д., Давлетчурин Д., Акильжанова А., Балановская Е., Балановский СРАВНИТЕЛЬНЫЙ АНАЛИЗ ГЕНОФОНДОВ УЗБЕКОВ, КАЗАХОВ, КАРАКАЛПАКОВ, ТУРКМЕН И ДУНГАН ПО МАРКЕРАМ Y-ХРОМОСОМЫ.....	29
24. Ибрагимов З.З., Шамсутдинова Д.Б. ВЗАИМОСВЯЗЬ ПОЛИМОРФИЗМА -1997G/T ГЕНА COL1A1 С РИСКОМ РАЗВИТИЯ ОСТЕОПОРОЗА В УЗБЕКСКОЙ ПОПУЛЯЦИИ.....	30
25. Исанбаева Л.М., Кадырова Д.А. РЕГУЛЯЦИЯ ЭКСПРЕССИИ ГЕНА МНОЖЕСТВЕННОЙ ЛЕКАРСТВЕННОЙ УСТОЙЧИВОСТИ В МИОМАХ МАТКИ ПРИ ЛЕЧЕНИИ.....	31
26. Исанбаева Л.М., Кадырова Д.А. КОЛИЧЕСТВЕННЫЕ ИЗМЕНЕНИЯ НЕКЛЕТОЧНОЙ ДНК ПРИ МОНИТОРИНГЕ ЛЕЧЕНИЯ МИОМ МАТКИ.....	33
27. Имамходжаева А.С., Мавлонов Г.Т., Убайдуллаева Х.А., Адылова А.Т. ПРОДУКТЫ РЕАКЦИИ МАЙЯРА В РИЗОСФЕРЕ ХЛОПЧАТНИКА.....	34
28. Кадырова Д.А., Авезов Н.Ш., Исанбаева Л.М. ЗНАЧЕНИЕ ПОЛИМОРФИЗМА ГЕНА MDR1, КОДИРУЮЩЕГО Р-ГЛИКОПРОТЕИН ДЛЯ ИНДИВИДУАЛИЗАЦИИ ХИМИОТЕРАПИИ ПРИ РАКЕ МОЛОЧНОЙ ЖЕЛЕЗЫ.....	35
29. Камбурова В.С., Никитина Е.В., Назарова Е.Ф., Абдурахмонов И.Ю. МЕТОДЫ РЕДАКТИРОВАНИЯ ГЕНОМОВ.....	37
30. Камбурова В.С., Никитина Е.В., Назарова Е.Ф., Абдурахмонов И.Ю. ОЦЕНКА БЕЗОПАСНОСТИ ПРИМЕНЕНИЯ СИСТЕМ РЕДАКТИРОВАНИЯ ГЕНОМА.....	38

- 31.** Каримов Х.Я., Бобоев К.Т. СОСТОЯНИЕ И ПЕРСПЕКТИВЫ МОЛЕКУЛЯРНОЙ МЕДИЦИНЫ И КЛЕТОЧНЫХ ТЕХНОЛОГИЙ В УЗБЕКИСТАНЕ.....39
- 32.** Каримов Х.Я., Курганов С.К., Бобоев К.Т., Алимов Т.Р. ИССЛЕДОВАНИЕ СПЕЦИФИЧЕСКИХ ХИМЕРНЫХ ОНКОГЕНОВ ОПУХОЛЕВЫХ КРОВЕТВОРНЫХ КЛЕТОК НА ОСНОВЕ ТЕХНОЛОГИИ БИОЛОГИЧЕСКИХ МИКРОЧИПОВ.....41
- 33.** Кожамкулов У.А., Каиров У.Е., Молкенов А., Абильмажинова А.Т., Ахметова А.Ж., Joseph Lee, Акильжанова А.Р. ГЕНОМНЫЙ И МЕТАБОЛОМНЫЙ АНАЛИЗ КАРДИОМЕТАБОЛИЧЕСКИХ НАРУШЕНИЙ В КАЗАХСКОЙ ПОПУЛЯЦИИ.....43
- 34.** Кушанов Ф.Н., Дарманов М.М., Макамов А.Х., Тўраев О.С., Н.Н.Хусенов, Маткаримов М.Ў., Туланов А.А., Абдурахмонов И.Ю. ЎРТА ТОЛАЛИ ГЎЗА НАВЛАРИ ТОЛА СИФАТ КЎРСАТКИЧЛАРИНИ МАС ТЕХНОЛОГИЯСИ ЁРДАМИДА ЯХШИЛАШ.....44
- 35.** Кушанов Ф.Н., Тураев О.С., Дарманов М.М., Макамов А.Х., Ходжаева У.Ш., Орипова Б.Б., Хусенов Н.Н., Абдурахмонов И.Ю. ТАФАККУР НАВИ АЙРИМ ТОЛА СИФАТ БЕЛГИЛАРИДА МОЛЕКУЛЯР ВА СТАТИСТИК ТАҲЛИЛ.....45
- 36.** Маматкулова Г.Ф., Эгамбердиев Ш.Ш., Муллахунов Б.Т., Раджапов Ф.С. ЎСИМЛИКЛАРДА SOS МЕТАБОЛИК ЙЎЛИНИНГ ШЎРГА ЧИДАМЛИЛИК-ДАГИ РОЛИ.....46
- 37.** Маматкулова Г.Ф., Эгамбердиев Ш.Ш., Раджапов Ф.С., Муллахунов Б.Т. GOSSYRIUM HIRSUTUM ДА ШЎРГА ЧИДАМЛИЛИКНИ ТАЪМИНЛАШДА ИШТИРОК ЭТУВЧИ SOS1 ГЕНИНИ IN SILICO УСУЛИДА АНИҚЛАШ.....47
- 38.** Макамов А.Х., Салахутдинов И.Б., Ачилов С.Г., Гаффорова Н.Ф., Холмурадова М.М., Дарманов М.М., Тураев О.С., Хусенов Н.Н., Адилова О.Т., Шерматов Ш.Э., Буриев З.Т., Абдурахмонов И.Ю. ҒЎЗАДА ТОЛА ЧЎЗИЛУВЧАНЛИГИ БЕЛГИСИНИ QTL ХАРИТАЛАШ.....48
- 39.** Макамов А.Х., Салахутдинов И.Б., Ачилов С.Г., Гаффорова Н.Ф., Холмурадова М.М., Дарманов М.М., Тураев О.С., Хусенов Н.Н., Адилова О.Т., Шерматов Ш.Э., Буриев З.Т., Абдурахмонов И.Ю. ҒЎЗАНИНГ РЕКОМБИНАНТ ИНБРЕД ЛИНИЯЛАР (РИЛ) ПОПУЛЯЦИЯСИДА ТОЛА УЗУНЛИГИНИ QTL ХАРИТАЛАШ.....50
- 40.** Макамов А.Х., Холмурадова М.М., Буриев З.Т., Абдурахмонов И.Ю., Бобохужаев Ш.У., Санамьян М.Ф. ҒЎЗАНИНГ (G.HIRSUTUM L.) F1 МОНОСОМИК ДУРАГАЙЛАРИДА ЙЎҚОЛГАН ХРОМОСОМАЛАРНИ ДНК МАРКЕРЛАРИ ЁРДАМИДА АНИҚЛАШ.....51
- 41.** Махкамов S.A., Shohiddinova M.N., Fayziyev V.B. O‘SIMLIK PEROKSIDAZA FERMENTINING AKTIVLIGINI TEMPERATURAGA BO‘G‘LIQ HOLDA O‘RGANISH.....52
- 42.** Мавлонов Г.Т. , Мамадрахимов А.А. , Шарипов А.Т. , Шерматов Ш.Э. БИОКОНВЕРСИЯ ФЕНОЛЬНЫХ ГЛИКОЗИДОВ ПРОПОЛИСА И ЛЕКАРСТВЕННЫХ РАСТЕНИЙ КИШЕЧНЫМИ БАКТЕРИЯМИ.....53
- 43.** Мавлонов Г.Т., Шерматов Ш.Э., Кушанов Ф.Н., Адылова А.Т. СРАВНИТЕЛЬНЫЙ ПРОФИЛЬ ПОЗИЦИОННЫХ ИЗОМЕРОВ ТРИГЛИЦЕРИДОВ СЕМЯН ХЛОПЧАТНИКА ТРЕХ ВИДОВ.....55

44. Маткаримов М.Ў., Хусенов Н.Н., Тураев О.С., Норбеков Ж.Қ., Кушанов Ф.Н., Абдурахмонов И.Ю. ВЕРТИЦИЛЛЁЗ ВИЛТГА ҚАРШИ КУРАШИШДА МАС ТЕХНОЛОГИЯСИНИНГ АҲАМИЯТИ ВА РОЛИ.....56
45. Норбеков Ж.Қ., Хуршут Э.Э., Аддылова А.Т., Кушанов Ф.Н. Абдурахмонов И.Ю. РАВНИТЕЛЬНОЕ ИЗУЧЕНИЕ ПОЛИМОРФИЗМА МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ УЗБЕКИСТАНСКОЙ СЕЛЕКЦИИ С ПОМОЩЬЮ ДНК-МАРКЕРОВ.....57
46. Норбеков Ж.Қ., Дарманов М.М., Тураев О.С., Макамов А.Х., Маткаримов М.Ў., Хусенов Н.Н., Зупарова Д.М. Кушанов Ф.Н., Абдурахмонов И.Ю. ЎЗБЕКИСТОН БУҒДОЙ СЕЛЕКЦИЯСИДА ДНК МАРКЕРЛАР ТЕХНОЛОГИЯСИНИ ТАДБИҚ ҚИЛИШ.....58
47. Норов Т.М., Аюбов М.С., Ахмедов М.С., Жураев А.А., Убайдуллаева Х.А., Буриев З.Т., Абдурахмонов И.Ю. РОЛЬ БИОТЕХНОЛОГИЧЕСКОГО МЕТОДА ПРИ ПОЛУЧЕНИИ УСТОЙЧИВЫХ К ФУЗАРИОЗНОМУ ВИЛТУ ЛИНИЙ ХЛОПЧАТНИКА.....59
48. Норов Т.М., Шапулатов У.М., Аюбов М.С., Усмонов Д.Е., Ахмедов М.С., Имамхожаева А.С., Бўриев З.Т., Абдурахмонов И.Ю. ГЕНЛАРНИ ПИРАМИДАЛАШДА ГЕН НОКАУТ ТЕХНОЛОГИЯСИНИНГ РОЛИ.....60
49. Нуриллаева Н.М., Хасанова Н. А., Ибрагимов З.З. ВСТРЕЧАЕМОСТЬ ПОЛИМОРФИЗМ ГЕНА ИНГИБИТОРА АКТИВАТОРА ПЛАЗМИНОГЕНА 1 ТИПА У БОЛЬНЫХ СТАБИЛЬНОЙ СТЕНОКАРДИЕЙ НАПРИЖЕНИЯ.....61
50. Никитина Е.В., Камбурова В. С., Аддылова А. Т., Убайдуллаева Х., Абдурахмонов И. Ю. РЕГУЛЯЦИЯ НИТРАТРЕДУКТАЗНОЙ АКТИВНОСТИ.....63
51. Никитина Е.В., Мамаджанов А., Имамходжаева А.С. АНАЛИЗ БЕЗОПАСНОСТИ ПРОДУКЦИЙ ГМО.....64
52. Резаева Б.Р., Буриев З.Т., Убайдуллаева Х.А., Рахманов Б.К, Омаров С.А.Маматкулова Ш.Х., Абдурахмонов И.Ю. РНК ТЕХНОЛОГИЯСИ ОРҚАЛИ IN PLANTA ТРАНСФОРМАЦИЯСИДАН ФОЙДАЛАНИБ, БУҒДОЙНИНГ (TRITICUM AESTIVUM) ЯНГИ ЛИНИЯЛАРИНИ ОЛИШ.....65
53. Рахимов Т.А., Намазов Ш.Э., Амантурдиев И.Ф., Юлдашева Р.А. ҒЎЗАНИНГ ҚОРА ИЛДИЗ ЧИРИШ (THELAVIOPSIS BASICOLA) КАСАЛЛИГИГА ЧИГИТДАГИ УМУМИЙ ВА (+)-ГОССИПОЛ МИҚДОРЛАРИНИ ТАЪСИРИ.....66
54. Рыскулов Ф.Т., Арипова Т.У. , Хасанова Л.Н., Поляруш С.В. ОПРЕДЕЛЕНИЕ ЧАСТОТЫ ВСТРЕЧАЕМОСТИ I И II ГЕНОТИПОВ ЛОКАЛЬНЫХ ШТАММОВ HELICOBACTER PYLORI.....68
55. Саломашкина В.В., Каримов Х.Я., Демидова Е.Ю., Бобоев К.Т., Сурин В.Л. СЕКВЕНИРОВАНИЕ ГЕНА В-ГЛОБИНА ДЛЯ РЕНАТАЛЬНОЙ ДИАГНОСТИКИ В-ТАЛАССЕМИИ В УЗБЕКИСТАНЕ.....69
56. Саатов Б.Т., Ибрагимов З.З., Саатов Т.С. ИЗУЧЕНИЕ ПОЛИМОРФИЗМА ГЕНА ТИРОЗИНАЗЫ-TYR И ЕГО АССОЦИАЦИИ С РИСКОМ РАЗВИТИЯ ВИТИЛИГО.....70
57. Саатов Т.С., Иргашева С.У., Ибрагимов З.З., Мустафакулов М.А., Ибрагимова Э.А. ИЗУЧЕНИЕ АССОЦИАЦИИ ПОЛИМОРФИЗМА G308А ГЕНА TNF- α С РАЗВИТИЕМ ИНСУЛИНОРЕЗИСТЕНТНОСТИ.....71
58. Тураев О.С., Хусенов Н.Н., Дарманов М.М., Макамов А.Х., Зупарова Д.М., Юлдашева Н.З., Кушанов Ф.Н., Абдурахмонов И.Ю. ҒЎЗАНИНГ УАК-

- ПОПУЛЯЦИЯСИ ОТА-ОНА ГЕНОТИПЛАРИ ТОЛА НАМУНАЛАРИНИНГ СТАТИСТИК ТАҲЛИЛИ.....72
- 59.** Тураев О.С., Макамов А.Х., Дарманов М.М., Х.Н. Алляров, Холмурадова М.М., Туланов А.А., Кушанов Ф.Н., Абдурахмонов И.Ю. УАК ПОПУЛЯЦИЯСИ (НАМАНГАН-77XL-N1) КОМБИНАЦИЯСИДА ТОЛА ПИШИҚЛИГИ ЛОКУСЛАРИНИ МОЛЕКУЛЯР КАРТАЛАШТИРИШ.....73
- 60.** Тураев О.С., Хусенов Н.Н., Дарманов М.М., Макамов А.Х., Умедова М.Э., Сулаймонова И.Р., Кушанов Ф.Н., Абдурахмонов И.Ю. ҒЎЗАНИНГ УАК ПОПУЛЯЦИЯСИ КОМБИНАЦИЯСИДА ТОЛА ЧИҚИМИ ЛОКУСЛАРИНИ МОЛЕКУЛЯР КАРТАЛАШТИРИШ.....74
- 61.** Убайдуллаева Х.А., Ишимов У.Ж., Рузибаев Х.С., Адылова А.Т., Абдурахмонов И.Ю. СРАВНИТЕЛЬНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ СОСТАВА СВОБОДНЫХ АМИНОКИСЛОТ В ЛИСТЬЯХ ХЛОПЧАТНИКА «Т7-1_7», ПОЛУЧЕННОГО С ПОМОЩЬЮ ТЕХНОЛОГИИ РНК-ИНТЕРФЕРЕНЦИИ.....75
- 62.** Umarov B.R, Alisher Abdullaev A.A, Leviskaya Y.V, Sagdiev N.J. TYPE-III SECRETION SYSTEM OF *BRADYRHIZOBIUM JAPONICUM*.....77
- 63.** Umarov Bakhtiyor, Alisher Abdullaev *BRADYRHIZOBIUM JAPONICUM* AND *SINORHIZOBIUM FREDII* STRAINS NODULATING OF GLYSINE MAX IN THE DIFFERENT REGIONS OF UZBEKISTAN.....78
- 64.** Усмонов Д.Э., Аюбов М.С., Ахмедов М.С., Бўриев З.Т., Абдурахмонов И.Ю. КРИПТОХРОМ 1 ГЕНИНИНГ ЎСИМЛИКЛАДАГИ ФУНКЦИЯСИ.....79
- 65.** Усманов Р.М.¹, Набиев С.М.¹ Аширралиева С.М.² ВЗАИМОДЕЙСТВИЕ «ГЕНОТИП-СРЕДА» ПО ПРИЗНАКУ ВОДОУДЕРЖИВАЮЩЕЙ СПОСОБНОСТИ ЛИСТЬЕВ РАСТЕНИЙ В РАЗЛИЧНЫХ УСЛОВИЯХ ВОДОСНАБЖЕНИЯ И СПОСОБАХ ПРЕДПОСЕВНОЙ ОБРАБОТКИ СЕМЯН СОРТОВ ХЛОПЧАТНИКА.....80
- 66.** Холмуродова М.М., Тураев О.С., Пратов Ф.Ф., Кушанов Ф.Н., Мамаджанов А., Имамходжаева Н.Н., ИЗУЧЕНИЕ ЗАСУХОУСТОЙЧИВОСТИ ХЛОПЧАТНИКА НА ОСНОВЕ МЕТОДА ГАК.....81
- 67.** А.С.Хусенов Маткаримов М.Ў., Тураев О.С., Макамов А.Х., Алляров Х.Н., Қўйсунова Ю.М., Кушанов Ф.Н., Абдурахмонов И.Ю. ГЕН-НОКАУТ ТЕХНОЛОГИЯСИ АСОСИДА ЯРАТИЛГАН ҒЎЗА НАВЛАРИНИНГ ФУЗАРИОЗЛИ ВИЛТ КАСАЛЛИГИГА ЧИДАМЛИЛИГИНИ ОШИРИШ.....82
- 68.** Хусенов Н.Н., Маткаримов М.У., Тураев О.С., Дарманов М.М., Норбоков Ж.К., Адылова А.Т., Кушанов Ф.Н., Абдурахмонов И.Ю. ИСПОЛЬЗОВАНИЕ ТЕХНОЛОГИИ ДНК-МАРКЕРОВ ДЛЯ ИНТЕГРИРОВАНИЯ QTL ЛОКУСОВ УСТОЙЧИВОСТИ К ВИЛТУ В НОВЫЕ СОРТА ХЛОПЧАТНИКА.....83
- 69.** Хуршут Э.Э. КОЛИЧЕСТВЕННАЯ ОЦЕНКА РАЗВИТИЯ БОЛЕЗНЕЙ СЕЛЬХОЗКУЛЬТУР.....84
- 70.** Shapulatov U.M., Ayubov M., Norov T., Saha S., Wubben M., Makamov A.X., Buriev Z.T., Shermatov S.E., Abdulkarimov A., Jenkins.J. and Abdurakhmonov I.Y. PREDICTION OF LONG NON-CODING RNA FUNCTION UNDER ROOT-KNOT NEMATODE AND *FUSARIUM OXYSPORUM* INFECTION IN COTTON.....86
- 71.** Shapulatov U.M1., Makamov A.Kh1., Saha S2., Buriev Z.T1., Shermatov Sh.E1., Abdulkarimov A1., Abdurakhmonov I.Y1. IDENTIFICATION OF SMALL NON-CODING RNAS DURING ROOT-KNOT NEMATODE ATTACK IN COTTON.....86

72. Shavqiyev J. SH., Adilova SH., Xamdullayev SH. A., Rejapova M.M., Buzrukov SBUG'DOY TO'QIMASIDAN STAB VA SDS USULIDA GENOM DNK AJRATISHNI OPTIMALLASHTIRISH.....87
73. Шеримбетов С.Г., Ишимов У.Ж., Мирзаева Н.Р., Шукурхонова М.Ф. ARTEMISIA DIFFUSA ЎСИМЛИГИ ТАРКИБИДАГИ АЙРИМ ЭРКИН АМИНОКИСЛОТАЛАР ТАҲЛИЛИ.....88
74. Шерматов Ш.Э., Буриев З.Т., Убайдуллаева Х.А., Абдурахмонов И.Ю. ГЕН ESKIMO1 РЕГУЛИРУЕТ ЗАСУХО И СОЛЕУСТОЙЧИОВСТЬ У ХЛОПЧАТНИКА.....89
75. Якубов И.Т., Ламбрехт Н.У., Сакс Ж. ИЗМЕНЕНИЯ В ЭКСПРЕССИИ ГЕНОВ ЭНТЕРОХРОМАФИН-ПОДОБНЫХ КЛЕТОК ЖЕЛУДКА ПРИ ГОЛОДАНИИ.....90

II. ГЕНЕТИКА РАСТЕНИЙ И ЖИВОТНЫХ

76. Абдуллаев Ф.Х. КЛАССИФИКАЦИЯ ИСХОДНОГО МАТЕРИАЛА ХЛОПЧАТНИКА С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ КЛАСТЕРНОГО АНАЛИЗА.....92
77. Абдуллаев Ф.Х., Арсланов Д.М. ЭФФЕКТИВНОЕ ИСПОЛЬЗОВАНИЕ ГЕНОФОНДА ХЛОПЧАТНИКА НА ОСНОВЕ ФОРМИРОВАНИЯ НАЦИОНАЛЬНОЙ ИНФОРМАЦИОННОЙ СИСТЕМЫ.....94
78. Абзалов М.Ф., Аманов А.М., Тулаев Х.Б. СОЯ – (GLYCINE MAX L.) ЎСИМЛИГИНИ ГЕНОФОНДИ.....96
79. Абзалов М.Ф., Йўлдошев А.А.* ҒЎЗАНИНГ ЯНГИ БАРГ ШАКЛИНИ РИВОЖЛАНТИРУВЧИ МУТАНТ ГЕН orl НИ ДУРАГАЙ АВЛОДЛАРДА ИРСИЙЛАНИШИ.....97
80. Азимов А.А., Аюбов М.С., Адылова А.Т. ДИСПЕРСИОННЫЙ АНАЛИЗ КАЧЕСТВА ВОЛОКНА НЕКОТОРЫХ ЛИНИЙ ХЛОПЧАТНИКА.....98
81. Аманов Б.Х., Ризаева С.М., Шоназарова М.У. G.BARBADENSE L. ТУРИЧИ ХИЛМА-ХИЛЛИКЛАРИНИ ДУРАГАЙЛАШ АСОСИДА АЖРАТИБ ОЛИНГАН ОИЛАЛАРДА АЙРИМ МОРФО-ХЎЖАЛИК БЕЛГИЛАРИНИНГ КОРРЕЛЯЦИЯСИ.....99
82. Амантурдиев И.Ғ., Намазов Ш.Э., Рахимов Т.А., Юлдашева Р.А. ҒЎЗАНИНГ ЭКОЛОГО-ГЕОГРАФИК ВА ГЕНЕТИК УЗОҚ ДУРАГАЙЛАРИНИНГ КЎСАК ҚУРТИГА БАРДОШЛИЛИГИ.....100
83. Бобохужаев Ш.У., Санамьян М.Ф. ЦИТОЛОГИЧЕСКИЕ ОСОБЕННОСТИ МЕЖВИДОВЫХ ГИБРИДОВ F₁ С ЗАМЕЩЕНИЯМИ ОТДЕЛЬНЫХ ХРОМОСОМ.....101
84. Буранов. А.К., Бабоев С.К. ХАРАКТЕРИСТИКА СТАРОДАВНИХ МЕСТНЫХ СОРТОВ ПШЕНИЦЫ УЗБЕКИСТАНА ПО КАЧЕСТВУ ЗЕРНА....102
85. Буранов. А.К. ИЗУЧЕНИЕ СТАРОДАВНИХ МЕСТНЫХ СОРТОВ ПШЕНИЦЫ УЗБЕКИСТАНА ПО ЗАПАСНЫМ БЕЛКАМ.....104
86. Каримов Э.Ё., Шеримбетов А.Г., Ахмеджанов А.Н., Мамарузиев А.А., Дадажанов Ж.Р. ОДИН ИЗ ЭФФЕКТИВНЫХ МЕТОДОВ СОЗДАНИЯ МЕЖВИДОВЫХ ГИБРИДОВ ОПЫЛЕНИЕМ СМЕСЬЮ ПЫЛЬЦЫ БЕЗ КАСТРАЦИИ.....105

87. Қаххоров И.Т., Қодирова М.Р. ҒЎЗАНИНГ ИСТИҚБОЛЛИ ЎЗФА-705 НАВИ ПОПУЛЯЦИЯСИ ТАРКИБИНИНГ ТАКОМИЛЛАШУВИ ВА МУВОЗАНАТИНИ САҚЛАНИШИ ОМИЛЛАРИ.....106
88. Қаххоров И.Т., Қодирова М.Р., Дусматова Г.А. ЎРТА ТОЛАЛИ ҒЎЗАНИНГ ГЕОГРАФИК ВА ГЕНОТИПИК УЗОҚ ШАКЛЛАРИНИ ДУРАГАЙЛАГАНДА 1000 ДОНА ЧИГИТИ КЎРСАТКИЧИНИНГ ИРСИЙЛАНИШИ.....108
89. Қодирова М.Р., Қаххоров И.Т., Эргашев О.Р., Дусматова Г.А. ҒЎЗАНИНГ *G.HIRSUTUM L.* ТУРИ ГЕОГРАФИК УЗОҚ ШАКЛ-ЛАРИ ДУРАГАЙЛАРИНИНГ ГЕНОТИПИНИ БОЙИТИЛИШИ ЖАРАЁНЛАРИНИ ГЕНИТИК ТАҲЛИЛИ.....110
90. Курбонов А.Ё., Автономов В.А., Эгамбердиев Ш.Ш., Муллахунов Б.Т., Раджапов Ф.С. ИЗМЕНЧИВОСТЬ ПРИЗНАКА «ДЛИНА ВЕГЕТАЦИОННОГО ПЕРИОДА» У МЕЖСОРТОВОЙ ГИБРИДОВ F3.....111
91. Курбонов А.Ё., Автономов В.А., Эгамбердиев Ш.Ш., Муллахунов Б.Т., Ф.С.Раджапов ИЗМЕНЧИВОСТЬ ПРИЗНАКА «ВСЕГО СИМПОДИАЛЬНЫХ ВЕТВЕЙ» У ГИБРИДОВ F5 ХЛОПЧАТНИКА ВИДА *G.HIRSUTUM L.*.....113
92. Мелиев С.К. ЎЗБЕКИСТОН ШАРОИТИДА СИММУТ КОЛЛЕКЦИЯСИДАН КЕЛТИРИЛГАН БУҒДОЙ НАМУНАЛАРИНИНГ ЗАНГ КАСАЛЛИКЛАРИГА ВА ЁТИБ ҚОЛИШГА ЧИДАМЛИЛИГИНИ БАҲОЛАШ.....114
93. Мелиев С.К. Бузруков С.С. СИММУТ КОЛЛЕКЦИЯСИДАН КЕЛТИРИЛГАН ЮМШОҚ БУҒДОЙ НАМУНАЛАРИНИНГ ҲОСИЛДОРЛИК КЎРСАТКИЧЛАРИНИ ЎРГАНИШ ВА СЕЛЕКЦИЯ ИШИДА ДОНОР СИФАТИДА ФОЙДАЛАНИШ.....115
94. Набиев С.М.1, Усманов Р.М.1 Ашираниева С.М.2 ГЕНОТИПИЧЕСКАЯ РЕАКЦИЯ ПО ОВОДНЕННОСТИ И ИНТЕНСИВНОСТИ ТРАНСПИРАЦИИ ЛИСТЬЕВ СОРТОВ ХЛОПЧАТНИКА К НЕДОСТАТОЧНОМУ ВОДОСНАБЖЕНИЮ ПРИ ПРЕДПОСЕВНОЙ ХИМИЧЕСКОЙ И ФИЗИЧЕСКОЙ ОБРАБОТКЕ СЕМЯН.....117
95. Набиев С.М., Нуров Б.Х., Хамдуллаев Ш.А. НАСЛЕДОВАНИЕ ПРИЗНАКА «ПРОДУКТИВНОСТЬ РАСТЕНИЙ» У МЕЖВИДОВЫХ РАСТЕНИЙ F1 ХЛОПЧАТНИКА В РАЗНЫХ УСЛОВИЯХ ВОДОСНАБЖЕНИЯ.....118
96. Ризаева С.М., Эрнзарова Д.К., Абдуллаев Ф.Х., Муминов Х.А., Арсланов Д.М. ХАРАКТЕРИСТИКА КОЛЛЕКЦИОННЫХ ОБРАЗЦОВ КУЛЬТИВИРУЕМЫХ ДИПЛОИДНЫХ ВИДОВ ХЛОПЧАТНИКА.....119
97. Саидходжаева С.Н., Каримов Х.Я., Маджидова Е.Н., Бобоев К.Т. ВЫЯВЛЕНИЕ ХРОМОСОМНЫХ ИЗМЕНЕНИЙ В КАРИОТИПЕ ДЕТЕЙ С СИНДРОМОМ ДЕФИЦИТА ВНИМАНИЯ И ГИПЕРАКТИВНОСТИ.....121
98. Санамьян М.Ф., Бобохужаев Ш.У. ЦИТОГЕНЕТИЧЕСКАЯ ИДЕНТИФИКАЦИЯ НЕХВАТОК ОТДЕЛЬНЫХ ХРОМОСОМ ХЛОПЧАТНИКА С ПОМОЩЬЮ ТРАНСЛОКАЦИОННОГО ТЕСТА.....122
99. Санаев Н.Н. СУВ ТАНҚИСЛИГИ МУАММОСИГА ҚАРШИ КУРАШИШДА ТУРЛАРАРО ДУРАГАЙЛАШ АСОСИДА ОЛИНГАН ТИЗМАНИНГ МОРФО-БИОЛОГИК ХУСУСИЯТЛАРИ.....124
100. Хамдуллаев Ш.А., Набиев С.М., Абдушукирова С.К., Шавқиев Ж.Ш. *G.HIRSUTUM L.* ТУРИГА МАНСУБ ҒЎЗАНИНГ F1 ДУРАГАЙЛАРИДА “БИТТА КЎСАҚДАГИ ПАХТА ОҒИРЛИГИ” БЕЛГИСИНИНГ ИРСИЙЛАНИШИ.....125

- 101.** Холмуродова Г.Р., Баротова А.Р., Ҳошимова Д.К., Данияров С.Б. ҒЎЗАДА КОНВЕРГЕНТ ОИЛА ВА ТИЗМАЛАРНИНГ ҚИММАТЛИ ХЎЖАЛИК БЕЛГИЛАРИ БЎЙИЧА КЎРСАТКИЧЛАРИ.....126
- 102.** Чоршанбиев Н.Э., Набиев С.М., Матниязова Х.Х. G.BARBADENSE L. ТУРИГА МАНСУБ ҒЎЗА НАВЛАРИНИНГ F1 ЎСИМЛИКЛАРИДА ТОЛА ЧИҚИМИ БЕЛГИСИНИНГ ИРСИЙЛАНИШИ ВА НАВЛАРНИНГ КОМБИНАТИВ ҚОБИЛИЯТИ.....127
- 103.** Шодмонова Г., Рахимов Б., Нуриллаев И., Поёнов Ш. Урозов Б.«ҒЎЗАНИ BOOLGARD(BL)ГЕНЛИ F1ДУРАГАЙЛАРИДА КЎСАК ҚУРТИГА БАРДОШЛИЛИГИНИ ИРСИЙЛАНИШИ».....129
- 104.** Эргашев О.Р., Қахҳоров И.Т., Қодирова М.Р., Ҳакимов А.Э. ҒЎЗАНИНГ ЯНГИ ЎЗФА-710 НАВИНИНГ БИР КЎСАК ОҒИРЛИГИ БЕЛГИСИ КЎРСАТКИЧНИНГ ТУРҒУНЛИГИНИНГ ГЕНОТИП-ТАШҚИ МУҲИТ ТАЪСИРИДА САҚЛАНИШИНИ ПОПУЛЯЦИЯВИЙ ТАҲЛИЛИ.....130
- 105.** Юлдашева Р.А., Амантурдиев И.Ғ., Намазов Ш.Э., Рахимов Т.А. ҒЎЗАНИНГ ЭКОЛОГО-ГЕОГРАФИК УЗОҚ ДУРАГАЙЛАРИДА БИР ДОНА КЎСАҚДАГИ ПАХТА ВАЗНИ БЕЛГИСИНИНГ ШАКЛЛАНИШИ.....131
- 106.** Юлдашева Р.А., Амантурдиев И.Ғ. ҒЎЗАНИНГ ЮҚОРИ АВЛОД ДУРАГАЙЛАРИДА ТОЛА ЧИҚИМИНИНГ ШАКЛЛАНИШИ ВА ЎЗГАРУВЧАНЛИГИ.....132

III БИОТЕХНОЛОГИЯ

- 107.** Абдукаримов Д.И., Д.Т.Мирзарахметова СОВЕРШЕНСТВОВАНИЕ БИОТЕХНОЛОГИИ ПОЛУЧЕНИЯ ЭТАНОЛА, ИНТЕНСИФИКАЦИЕЙ ТЕХНОЛОГИЧЕСКОГО ПРОЦЕССА.....135
- 108.** Алляров Л.К., С.К. Алляров БИОТЕХНОЛОГИК IN VITRO ШАРОИТИДА МАДАНИЙ ЎСИМЛИКЛАРНИ КАСАЛЛИКЛАРГА БАРДОШЛИЛИГИНИ ОШИРИШНИНГ ЗАМОНАВИЙ МОЛЕКУЛЯР ТЕХНОЛОГИЯСИ.....136
- 109.** Артикова Р.М., Мурадходжаева З.Б. ДЎЛАНА МЕВАЛАРИ ТАРКИБИДАГИ ФЛАВОНОИДЛАРНИНГ СИФАТ АНАЛИЗИ.....137
- 110.** Артикова Р.М., Максумходжаева К. С., Матчанова* Д.Ш. ВЫДЕЛЕНИЕ И ИЗУЧЕНИЕ ФИЗИКО-ХИМИЧЕСКИХ СВОЙСТВ ПЕКТИНА ИЗ ОВОЩНЫХ ОТХОДОВ.....139
- 111.** Ахмедова Захро Рахматовна ЭКОЛОГИЧЕСКИ БЕЗОПАСНЫЕ БИОПРЕПАРАТЫ МИКРОБНОГО ПРОИСХОЖДЕНИЯ ДЛЯ УВЕЛИЧЕНИЯ УРОЖАЙНОСТИ И СНИЖЕНИЯ ЗАБОЛЕВАЕМОСТИ СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННЫХ КУЛЬТУР.....140
- 112.** Ахмадалиев Б.Ж., Файзиев В.Б. ТОШКЕНТ ВИЛОЯТИДА КАРТОШКА М- ВИРУСИНИНГ ТАРҚАЛИШИНИ ИФА ЁРДАМИДА АНИҚЛАШ.....142
- 113.** Ахмедова З.Р., Шонахунов Т.Э., Кулонов А.А., Яхяева М.А., Хамраева З.Т. ГИДРОЛАЗЫ МИЦЕЛИАЛЬНЫХ ГРИБОВ И ПЕРСПЕКТИВЫ ИХ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ ПРОТИВ ФИТОПАТОГЕНОВ.....143
- 114.** Бахтиерова М.С., Ташпулатов Ж.Ж., Куканова С.И., Зайнитдинова Л.И. МИКРОМИЦЕТЫ ПОЧВ СЛАБОГО ПЕСТИЦИДНОГО ЗАГРЯЗНЕНИЯ.....145

115. Вохидова Н.Б. Артикова Р.М., Матчонова Д.Ш. УЗУМ ТАРКИБИДАГИ ФЕНОЛЛИ МОДДАЛАРНИ АЖРАТИШНИНГ ОПТИМАЛ ШАРОИТИНИ ЎРГАНИШ.....	146
116. Jabborkhnova Nodirakhon HALOPHYTIC BIOMASS FOR BIOGAS PRODUCTION.....	147
117. Зайнитдинова Л.И., Куканова С.И., Ташпулатов Ж.Ж. ПОИСК И ВЫДЕЛЕНИЕ МИКРООРГАНИЗМОВ СПОСОБНЫХ СИНТЕЗИРОВАТЬ НАНОЧАСТИЦЫ.....	148
118. Зупарова Д.М., Аблазова М.М., Тураев О.С., Кушанов Ф.Н., Абдурахмонов МОЛЕКУЛЯР ТАДҚИҚОТЛАР УЧУН TRICHODERMA ЗАМБУРУҒ ШТАММЛАРИНИ ДАСТЛАБКИ ТАНЛАШ.....	149
119. И.Ю.Исломов А.Б, Убайдуллаева Х.А., Д.Ёрматова, Буриев З.Т., Абдурахмонов И.Ю. ЗАЙТУН (<i>OLEA EUROPAEA</i>)ЎСИМЛИГИНИ <i>in vitro</i> УСУЛИДА КЎПАЙТИРИШ ТЕХНОЛОГИЯСИ.....	150
120. Кадирова З.А. <i>PHYSALIS ALKEKENGI</i> ЎСИМЛИГИ ВИРУСИНИ ГЕЛЬФИЛЬТРАЦИЯ УСУЛИДА ТОЗАЛАШ.....	151
121. КадироваЗ. МИКРОФЛОРА СЫРЬЯ КОНСЕРВНОЙ ПРОМЫШЛЕННОСТИ.....	152
122. Кадырова Г.Х., Шакиров З.С., Сафаров И.В., Хамдамова Н.А. НЕКОТОРЫЕ СВОЙСТВА МЕСТНЫХ ШТАММОВ ДИАЗОТРОФОВ.....	153
123. Камолова Х.Ф., Тўраева Б.И., Зухритдинова Н.Ю., Файзиев В.Б. ПОДБОР ОПТИМАЛЬНЫХ ИСТОЧНИКОВ УГЛЕРОДА НА СИНТЕЗ ФИТОГАРМОНОВ РИЗОСФЕНЬИМИ МИКРОМИЦЕТАМИ.....	154
124. К. А. Кахарова, З. С. Хашимова, Н.Ж.Сагдиев БИОЛОГИЧЕСКАЯ АКТИВНОСТЬ БЕЛКОВЫХ КОМПОНЕНТОВ ПОВИЛИКИ.....	156
125. Маматкулова Ш.Х., Рахманов Б.К., Буриев З.Т., Убайдуллаева Х.А., Шерматов Ш.Э., Абдурахмонов И.Ю. КАРТОШКА ТУГАНАКЛАРИНИ <i>in vitro</i> УСУЛИДА МИКРОКЎПАЙТИРИШ.....	157
126. Мурадходжаева З.Б., Артикова Р.М. ФЛАВОНОИДЛАРНИНГ ДЎЛАНА МЕВАЛАРИ ТАРКИБИДАГИ МИҚДОРНИ АНИҚЛАШ.....	158
127. Насырова Г.Б., М.Ш. Собирова, Л.О. Тожиева, Х.Д. Сайфиева, Ш.К. Адылов, С.А. Абдулхакова, З.А. Зукурова, Х.А. Абдурасулов, К.Н. Казбеков, Э.Г. Холмуратов ОПТИМАЛЬНАЯ ФОРМА ПОДДЕРЖАНИЯ БИОТЕХНОЛОГИЧЕСКОЙ КОЛЛЕКЦИИ КАРТОФЕЛЯ.....	159
128. Норбобоева Р.Б., Рахманов Б. К., Буриев З.Т., Абдурахмонов И.Ю. ШОЛИ НАВЛАРИНИ ЯРАТИШДА ҚЎЛЛАНИЛАЁТГАН ЯНГИ БИОТЕХНОЛОГИК УСУЛЛАР.....	160
129. Норбобоева Р.Б., Примова Ф.Р. БОТАНИКА БОҒИ ЎТ ЎСИМЛИКЛАР СИСТЕМАТИКАСИ ТАЖРИБА МАЙДОННИНГ БУГУНГИ ХОЛАТИ.....	161
130. Рахманов Б.К., Абдуллаев А.Н., Ботиров А.З., Мирзаев Э.М., Буриев З.Т., Абдурахмонов И.Ю. МОДЕЛЬ ЎСИМЛИК - ARABIDOPSIS THALIANA.....	162
131. Рахманов Б.К., Рузибаев Х.С., Мирзахмедов М.Х., Абдуллаев А.Н., Буриев З.Т., Убайдуллаева Х.А., Шерматов Ш.Э., Абдурахмонов И.Ю. ФИТОТРОННОЎ ОБЪЕКТИНИНГ ҚИММАТЛИ ЎСИМЛИКЛАРНИ МУҲИТГА АДАПТАЦИЯСИ ВА КЎПАЙТИРИЛИШИДА АҲАМИЯТИ.....	164
132. Тангилова Г.Н. СОЯГА НИТРАГИН ТАЪСИРИ.....	165

133. Ташпулатов Ж.Ж., Зайнитдинова Л.И., Куканова С.И., Бахтиерова М.С., Эргашев Р.Б. СКРИНИНГ МИКРООРГАНИЗМОВ УСТОЙЧИВЫХ К ПЕСТИЦИДАМ.....	166
134. Турсунова М., М.Махмудова CYNARA SCOLYMUS L. НИНГ ЎРГАНИЛИШ ТАРИХИ.....	167
135. Турсунова М., М.Махмудова, А.Исломов ҒОЗПАНЖАЛАРНИНГ АҲАМИЯТИ.....	169
136. Файзиев В.Б., Ваҳобов А.Ҳ. КУЛЬТИВИРОВАНИЯ CAPPARIS SPINOSA.L. В АРИДНЫХ ЗОНАХ РЕСПУБЛИКИ И ИЗУЧЕНИЕ ИХ ВЛИЯНИЕ НА МИКРОБНЫЙ ПЕЙЗАЖ ПОЧВЫ.....	170
137. Хамраева Н.Т. КУЛЬТИВИРОВАНИЯ CAPPARIS SPINOSA.L. В АРИДНЫХ ЗОНАХ РЕСПУБЛИКИ И ИЗУЧЕНИЕ ИХ ВЛИЯНИЕ НА МИКРОБНЫЙ ПЕЙЗАЖ ПОЧВЫ.....	171
138. Хасанов Р.Қ. ТУЗ СТРЕССИ ШАРОИТИДА Azotobacter АВЛОДИГА МАНСУБ БАКТЕРИЯЛАРНИНГ ЎСИШИ, РИВОЖЛАНИШИ.....	172
139. Холмуратов Э.Г., Г.Б. Насырова, М.М. Мирзаганиев ПРЕИМУЩЕСТВА ИНТЕГРИРОВАННОГО ПОДХОДА К ПРОЦЕССУ МИКРОРАЗМНОЖЕНИЯ КАРТОФЕЛЯ.....	173
140. Хужамшукуров Н.А., Халилова Г.М., Пулатходжаева З.Х. МЕЛАНИН СИНТЕЗ ҚИЛУВЧИ BACILLUS THUINGIENSIS БАКТЕРИЯСИ ШТАММЛАРИНИ ОЛИШ.....	174
141. Чориев А. Ж. Ортикова М.Ж. Тохрий Д. ВЛИЯНИЕ КОМБИНИРОВАННОГО БАККОНЦЕНТРАТА НА КАЧЕСТВО СЫРОКОПЧЕННЫХ КОЛБАС.....	176
142. Кахарова К.А., Хашимова З.С., Сагдиев Н.Ж. БИОЛОГИЧЕСКАЯ АКТИВНОСТЬ БЕЛКОВЫХ КОМПОНЕНТОВ ПОВИЛИКИ.....	177
143. Камалова М.Д ВЛИЯНИЕ ВЛАЖНОСТИ ПОЧВЫ НА ПРОРАСНАНИЕ СЕМЯН ЮВЕНИЛЬНЫХ РАСТЕНИЙ.....	178
144. Кадырова Г.Х., Шакиров З.С., Сафаров И.В., Хамдамова Н.А., Абдуллаев А.К. НЕКОТОРЫЕ СВОЙСТВА МЕСТНЫХ ШТАММОВ ДИАЗОТРОФОВ.....	180
145. Рузибаев Х.С., Исломов А.Б, Пратов Ф.Ф., Нуриддинов А.Ш., Убайдуллаева Х.А., Мамаджанов А., Имамходжаева А.С. <i>IN PLANTA</i> ТРАНСФОРМАЦИЯ МЕСТНЫХ СОРТОВ ХЛОПЧАТНИКА.....	181