O‘ZBEKISTON RESPUBLIKASI
FANLAR AKADEMIYASI
GENOMIKA VA BIOINFORMATIKA MARKAZI

RESPUBLIKA ILMIY ANJUMANI

“GENETIKA, GENOMIKA VA BIOTEXNOLOGIYANING ZAMONAVIY MUAMMOLARI”

TOSHKENT – 2026 | 17 SENTYABR

O‘ZBEKISTON RESPUBLIKASI FANLAR AKADEMIYASI
GENOMIKA VA BIOINFORMATIKA MARKAZI

GENETIKA, GENOMIKA VA BIOTEXNOLOGIYANING ZAMONAVIY MUAMMOLARI

RESPUBLIKA ILMIY ANJUMANINING TEZISLAR TO‘PLAMI

17 sentyabr 2026 yil

****

АКАДЕМИЯ НАУК РЕСПУБЛИКИ УЗБЕКИСТАН
ЦЕНТР ГЕНОМИКИ И БИОИНФОРМАТИКИ

СБОРНИК ТЕЗИСОВ
РЕСПУБЛИКАНСКОЙ НАУЧНОЙ КОНФЕРЕНЦИИ

СОВРЕМЕННЫЕ ПРОБЛЕМЫ ГЕНЕТИКИ, ГЕНОМИКИ И БИОТЕХНОЛОГИИ

17 сентябр 2026 года

Toshkent – 2026 yil

Tashkiliy qo‘mita:

Buriyev Z.T. - *tashkiliy qo‘mita raisi.*
Kamburova V.S. - *tashkiliy qo‘mita raisi o‘rinbosari*
Shermatov Sh.E. - *tashkiliy qo‘mita a’zosi*
Avazmatov T.K. - *tashkiliy qo‘mita a’zosi*
Ubaydullaeva X.A. – *tashkiliy qo‘mita a’zosi*
Salaxutdinov I.B. - *tashkiliy qo‘mita a’zosi*
Ayubov M.S. - *tashkiliy qo‘mita a’zosi*
Usmanov D.E. - *tashkiliy qo‘mita a’zosi*
Xusenov N.N. - *tashkiliy qo‘mita a’zosi*
Makamov A.X. - *tashkiliy qo‘mita a’zosi*
Raxmatova N.N. - *tashkiliy qo‘mita a’zosi*
Norbekov J.K. - *tashkiliy qo‘mita a’zosi*
Radjapov F.S. - *tashkiliy qo‘mita a’zosi*
Yusupov A.N. - *tashkiliy qo‘mita a’zosi*
Ortiqov T.O. - *tashkiliy qo‘mita a’zosi*

Tahririyat jamoasi:

Kamburova V.S. - *Rais. Ilmiy ishlar bo‘yicha direktor o‘rinbosari, b.f.d.*
Shermatov Sh.E. - *Ilmiy kotib, b.f.n.*
Ubaydullaeva X.A. - *Laboratoriya mudiri, b.f.d.*
Ayubov M.S. - *Laboratoriya mudiri, b.f.d.*
Salaxutdinov I.B. - *Laboratoriya mudiri, b.f.n.*
Makamov A.X. - *Laboratoriya mudiri, b.f.f.d.*
Xusenov N.N. - *Bo‘lim mudiri, b.f.f.d.*
Usmonov D.E. - *Laboratoriya mudiri, b.f.f.d.*
Raxmatova N.N. - *Laboratoriya mudiri, b.f.f.d.*
Norbekov J.K. - *Bo‘lim mudiri, b.f.f.d.*
Imamxodjaeva A.S. - *Katta ilmiy xodim, b.f.n.*
Babadjanova F.I. - *Katta ilmiy xodim, b.f.f.d.*
Radjapov F.S. - *Katta ilmiy xodim*
Normamatov I.S. - *Katta ilmiy xodim*

To‘plam Markaz Ilmiy kengashining qarori bilan nashrga tasdiqlangan
(2026 yil 28-avgustdagi 11-son bayonnoma).
O‘zR FA Genomika va bioinformatika markazi. 2026 yil.

Hurmatli anjuman ishtirokchilari!

*Sizlarga “**Genetika, genomika va biotexnologiyaning zamonaviy muammolari**” mavzusidagi respublika ilmiy-amaliy anjumani tezislar to‘plamini mamnuniyat bilan taqdim etamiz.*

Ushbu to‘plam genetika, genomika va biotexnologiya sohalarida olib borilayotgan zamonaviy ilmiy tadqiqotlar, innovatsion yondashuvlar hamda amaliy natijalarni o‘zida mujassam etgan. Mazkur anjuman ushbu sohalarda faoliyat yuritayotgan olimlar, yosh tadqiqotchilar, mustaqil izlanuvchilar va amaliyotchilar uchun o‘zaro tajriba almashish, ilmiy muloqotni rivojlantirish hamda yangi ilmiy g‘oyalarni muhokama qilishga xizmat qiladi.

To‘plamga kiritilgan tezislarda fundamental va amaliy tadqiqotlar, innovatsion texnologiyalarni ishlab chiqish va joriy etish, shuningdek, sohaning dolzarb muammolari hamda ularning yechimlariga oid ilmiy natijalar o‘z aksini topgan. Har bir tezis mualliflarning izlanishlari, ilmiy yangilikka intilishi va fan taraqqiyotiga qo‘shayotgan munosib hissasini namoyon etadi.

Barcha mualliflarga o‘zlarining ilmiy ishlarini ushbu to‘plamga taqdim etganliklari uchun samimiy minnatdorlik bildiramiz. Sizlarning ilmiy izlanishlarga bo‘lgan sadoqatingiz, yangi bilimlar yaratish va ilm-fan rivojiga qo‘shayotgan hissangiz kelgusi taraqqiyot uchun mustahkam asos bo‘lib xizmat qiladi.

Shuningdek, anjumanning yuqori saviyada tashkil etilishiga munosib hissa qo‘shgan tashkiliy qo‘mita a’zolari, taqrizchilar va barcha ishtirokchilarga chuqur minnatdorligimizni izhor etamiz.

Ishonamizki, mazkur tezislar to‘plami genetika, genomika va biotexnologiya sohalaridagi ilmiy hamkorlikni yanada mustahkamlash, innovatsion g‘oyalarni rivojlantirish va kelgusi tadqiqotlar uchun muhim ilmiy manba bo‘lib xizmat qiladi.

Hurmat bilan,
Tahririyat hay’ati

KIRISH

Genetika, genomika va biotexnologiya biologiyaning jadal rivojlanayotgan va amaliy ahamiyati yuqori bo‘lgan yo‘nalishlaridan hisoblanadi. Ushbu sohalardagi tadqiqotlar tirik organizmlarning irsiy xususiyatlarini chuqur o‘rganish, biologik jarayonlarning molekulyar mexanizmlarini aniqlash hamda tibbiyot, qishloq xo‘jaligi, farmatsevtika va sanoat uchun yangi texnologiyalar yaratish imkonini bermoqda.

Qishloq xo‘jaligida genetik va biotexnologik usullardan foydalanish oziq-ovqat xavfsizligini ta’minlash va iqlim o‘zgarishi sharoitida barqaror ishlab chiqarishni rivojlantirishda muhim ahamiyat kasb etmoqda. Genetik muhandislik, molekulyar markerlar, genomik seleksiya va genlarni tahrirlash texnologiyalari yordamida yuqori hosildor, kasalliklar hamda qurg‘oqchilik, sho‘rlanish va yuqori harorat kabi stress omillariga chidamli yangi nav va liniyalarni yaratish imkoniyatlari kengaymoqda.

Inson genomini o‘rganish natijalari zamonaviy tibbiyotning yangi bosqichga ko‘tarilishiga xizmat qilmoqda. Genomik ma’lumotlardan foydalanish orqali irsiy kasalliklarga moyillikni aniqlash, kasalliklarni erta tashxislash va individual davolash usullarini tanlash imkoniyati yaratilmoqda. Personallashtirilgan tibbiyot va farmakogenomika yo‘nalishlari bemorning genetik xususiyatlarini hisobga olgan holda davolash samaradorligini oshirish va nojo‘ya ta’sirlarni kamaytirishga qaratilgan.

Genomik texnologiyalarning rivojlanishi bioinformatika, yangi avlod sekvenslash, sintetik biologiya va gen tahrirlash kabi zamonaviy yo‘nalishlarning taraqqiyotini jadallashtirmoqda. Ushbu texnologiyalar biologik ma’lumotlarni keng ko‘lamda tahlil qilish, genomlar o‘rtasidagi farqlarni aniqlash, genlarning funksiyalarini o‘rganish va yangi biologik tizimlar yaratish uchun muhim vosita bo‘lib xizmat qilmoqda.

Sanoat biotexnologiyasida mikroorganizmlar va hujayra tizimlaridan foydalanib bioyoqilg‘i, biopolimerlar, fermentlar hamda boshqa biologik mahsulotlarni olishning ekologik va resurs tejamkor usullari ishlab chiqilmoqda. Bunday texnologiyalar qayta tiklanadigan biologik xomashyodan foydalanish, ishlab chiqarish xarajatlarini kamaytirish va atrof-muhitga salbiy ta’sirni qisqartirish imkonini beradi.

Shu bilan birga, zamonaviy genetik va biotexnologik yutuqlar biologik xavfsizlik, bioetika, genetik resurslarni muhofaza qilish va texnologiyalardan mas’uliyatli foydalanish kabi masalalarni ham dolzarb etmoqda. Ayniqsa, genlarni tahrirlash va sintetik biologiya kabi yuqori texnologiyalarning rivojlanishi ularni ilmiy va amaliy jihatdan asoslangan holda qo‘llash, ehtimoliy xavflarni baholash hamda biologik xilma-xillikni saqlashga alohida e’tibor qaratishni talab qiladi.

Mazkur konferensiya genetika, genomika va biotexnologiyaning dolzarb masalalarini muhokama qilish, ilmiy natijalar bilan almashish va fanlararo hamkorlikni rivojlantirishga qaratilgan. To‘plamdan o‘rin olgan maqolalarda ushbu yo‘nalishlardagi zamonaviy tadqiqotlar, ilmiy natijalar va amaliy ishlanmalar yoritilgan. Konferensiya olimlar, tadqiqotchilar, professor-o‘qituvchilar, yosh mutaxassislar va izlanuvchilar o‘rtasida ilmiy muloqotni kuchaytirish, yangi g‘oyalarni shakllantirish hamda istiqbolli tadqiqot yo‘nalishlarini belgilash uchun muhim ilmiy maydon vazifasini bajaradi.

Ilmiy tajriba va zamonaviy yondashuvlarning o‘zaro almashinuvi genetika, genomika va biotexnologiya sohalarida yangi hamkorliklarni shakllantirish, innovatsion ishlanmalarni amaliyotga joriy etish va mavjud muammolarga samarali yechimlar ishlab chiqishga xizmat qiladi. Shu jihatdan, konferensiya materiallari mazkur yo‘nalishlarning ilmiy salohiyatini yanada oshirish va kelgusidagi tadqiqotlar uchun yangi istiqbollarni belgilashga muhim hissa qo‘shadi.

1. GENOMIKA VA BIOINFORMATIKA

SENNA MILL. TURKUMINING MOLEKULYAR IDENTIFIKATSIYASI: ZAMONAVIY TADQIQOTLAR TAHLILI

Aliyeva D.A., Ablakulova N.A., Qo’shiyev H.H.

Guliston davlat universiteti, Agrobiotexnologiyalar va biokimyo ilmiy tadqiqot instituti.
e-mail: aliyevadilafruz161@gmail.com

Senna Mill. turkumi *Fabaceae* oilasining eng yirik turkumlaridan biri bo‘lib, dunyo bo‘yicha 350 ga yaqin turni o‘z ichiga oladi. Turkum vakillari tropik va subtropik hududlarda keng tarqalgan bo‘lib, ko‘plab turlari dorivor, yem-xashak va manzarali o`simlik sifatida ahamiyatga ega. Ayniqsa, *Senna alexandrina* Mill. tarkibidagi sennozid A va B birikmalari tufayli farmatsevtika sanoatida yuqori talabga ega dorivor o‘simlik sifatida e'tirof etilgan.

Senna turkumining sistematik holatini aniqlashtirish maqsadida morfologik belgilar asosida ko‘plab taksonomik tadqiqotlar amalga oshirilgan. Bangladesh florasi vakillari ustida o‘tkazilgan numerik taksonomik tadqiqotlarda klaster (guruhlash) tahlili va fenetik yordamida turlar o‘rtasidagi qarindoshlik darajasi aniqlangan.Ushbu tadqiqot *Senna* turlarini faqat morfologik belgilar asosida ajratish ayrim hollarda murakkab ekanligini ko‘rsatgan.

Molekulyar filogenetika usullarining rivojlanishi *Senna* turkumining kelib chiqishi va evolyutsion rivojlanish tarixini yanada chuqurroq o‘rganish imkonini yaratdi. Xloroplast genomlari (plastomalar) asosida olib borilgan filogenomik tadqiqotlar *Senna* turlarida genom tuzilishining ko‘plab qismlari evolyutsiya davomida nisbatan barqaror saqlanib qolganligini, shu bilan birga ayrim genetik o‘zgarishlar turkum ichidagi turlar differensiyalanishida muhim rol o‘ynaganligini ko‘rsatdi. Xloroplast genomlari ma’lumotlari asosida tuzilgan filogenetik daraxtlar *Senna* turkumidagi turlarni umumiy ajdodga ega bo‘lgan bir necha evolyutsion

guruhlarga ajratish hamda ular o‘rtasidagi qarindoshlik munosabatlarini aniqlash imkonini berdi.

Dorivor xomashyoning qalbakilashtirilishi va yaqin turlar bilan aralashib ketishi muammosi *Senna* turlarini molekulyar markerlar yordamida autentifikatsiyalashga bo‘lgan ehtiyojni kuchaytirdi. Salim Khan va hammualliflar RAPD markerlari yordamida *Senna angustifolia, S. acutifolia, S. tora* hamda *S. sophera* turlarini muvaffaqiyatli differensiallashga erishganlar. Biroq RAPD markerlarining takrorlanuvchanlik darajasi nisbatan past bo‘lgani sababli keyingi tadqiqotlarda yanada ishonchli marker tizimlari ishlab chiqilgan.

Chouksey va hammualliflar RAPD hamda ISSR markerlari asosida turga xos SCAR markerlar yaratib, Senna alexandrina turini unga adashtiriladigan yoki uning o‘rniga ishlatiladigan boshqa turlardan aniq ajratishni ko‘rsatganlar. Ushbu markerlar funksional genom hududlari bilan bog‘langanligi sababli, ular genetik identifikatsiya tadqiqotlarida yanada ishonchli natijalarni taqdim etadi.

DNK-barkodlash texnologiyasining rivojlanishi Senna turlarini identifikatsiyalash uchun yangi imkoniyatlarni yaratdi. ITS, matK va psbA-trnH barkod hududlarini Yuqori aniqlikdagi erish egri chizig‘i tahlili (High Resolution Melting, HRM) bilan birlashtirib, *Senna alexandrina* turini ham xom o‘simlik materiallarida, ham qayta ishlangan dorivor mahsulotlarda yuqori aniqlik bilan muvaffaqiyatli identifikatsiyalashga erishilgan. Bar-HRM yondashuvi tezkorligi, sezgirligi va iqtisodiy samaradorligi bilan ajralib turadi.

Tahlil qilingan adabiyotlar *Senna* turkumining zamonaviy sistematikasi tobora ko‘proq morfologik, numerik va molekulyar ma'lumotlarning integratsiyasiga tayanayotganligini ko‘rsatadi. Molekulyar markerlar, ayniqsa SCAR markerlar va Bar-HRM texnologiyasi, dorivor o‘simlik xomashyosini genetik autentifikatsiyalash uchun eng istiqbolli vositalar sifatida namoyon bo‘lmoqda.

Keyingi bosqichda SCoT (Start Codon Targeted) va CBDP (CAAT Box-Derived Polymorphism) markerlari asosida ishlab chiqilgan SCAR markerlar Senna alexandrina uchun yuqori farqlash samaradorligini namoyon etgan. Ushbu markerlar funksional genom hududlariga bog‘langanligi sababli genetik identifikatsiyada yanada ishonchli natijalar bergan.

Yuqorida keltirilgan tadqiqotlardan kelib chiqib aytish mumkinki, molekulyar markerlarga asoslangan tadqiqotlarning asosiy afzalliklaridan biri *Senna* turlarida mavjud bo‘lgan genetik polimorfizmni aniqlash imkoniyatidir. RAPD, ISSR, SCoT va CBDP markerlari yordamida olingan polimorf DNK fragmentlari turlar va populyatsiyalar o‘rtasidagi genetik xilma-xillikni baholashga xizmat qiladi. Xususan, RAPD va ISSR markerlari yuqori darajadagi polimorfizmni aniqlash imkonini bergan bo‘lsa, SCoT va CBDP markerlari funksional genom hududlariga yo‘naltirilganligi sababli genetik farqlanishni yanada aniqroq ko‘rsatadi. Aniqlangan polimorf lokuslar asosida turga xos SCAR markerlar ishlab chiqilishi *Senna alexandrina* va unga yaqin turlarni ishonchli autentifikatsiyalash imkonini yaratgan. Shu sababli DNK polimorfizmini o‘rganish *Senna* turkumining genetik resurslarini tavsiflash, filogenetik munosabatlarini aniqlash hamda seleksiya dasturlarini takomillashtirishda muhim ahamiyat kasb etadi. *Senna* turkumining shifobaxsh turlarini biotexnologik metodlar yordamida mikroklonal ko`paytirish, molekulyar-genetik tahlil qilish va *Senna surattensis* uchun polimorf lokuslar asosida turga xos molekulyar markerlar ishlab chiqish istiqbolli tadqiqot yo‘nalishi hisoblanadi.

Senna Mill. turkumini o‘rganishda klassik taksonomiya, filogenomika va molekulyar marker texnologiyalarining uyg‘un qo‘llanilishi turkum sistematikasini takomillashtirish hamda dorivor turlarni ishonchli identifikatsiyalash imkonini beradi. Kelgusida *Senna* turlarida sennozidlar va flavonoidlar biosinteziga javob

beruvchi genlar asosida funksional markerlar ishlab chiqish seleksiya va farmatsevtik nazorat tadqiqotlarining muhim yo‘nalishlaridan biri bo‘lib qoladi.

G‘O‘ZA NAVLARINING GENETIK XILMA-XILLIGI VA UNI O‘RGANISHNING ZAMONAVIY USULLARI

Arslanov D.M., Xalokov Q.K.

Genetika va o‘simliklar eksperimental biologiyasi instituti.
e-mail: arslanovdm@yandex.ru

Genetik xilma-xillik qishloq xo‘jaligi ekinlarini barqaror rivojlantirish va samarali seleksiya ishlarining eng muhim omillaridan biridir. G‘o‘za dunyo to‘qimachilik sanoatini xomashyo bilan ta’minlaydigan asosiy texnik ekinlardan biri hisoblanadi. Keng genetik baza yuqori hosildor, tolasi sifatli hamda noqulay ekologik sharoitlarga chidamli yangi navlarni yaratish imkonini beradi. Iqlim o‘zgarishi va suv resurslari taqchilligi sharoitida g‘o‘za navlarining genetik xilma-xilligini o‘rganish dolzarb ilmiy va amaliy ahamiyat kasb etmoqda.

Gossypium turkumi ellikdan ortiq turni o‘z ichiga oladi. Ulardan *Gossypium hirsutum* va *Gossypium barbadense* eng katta xo‘jalik ahamiyatiga ega. Ushbu turlar genetik xilma-xilligi tabiiy evolyutsiya, mutatsiyalar, duragaylash va uzoq yillik seleksiya natijasida shakllangan. Navlar hosildorligi, tola uzunligi va mustahkamligi, tezpisharligi, qurg‘oqchilik, kasallik va zararkunandalarga chidamliligi hamda turli tuproq-iqlim sharoitlariga moslashuvchanligi bilan farqlanadi.

Genetik xilma-xillikni baholashda an’anaviy morfologik usullar muhim o‘rin tutadi. Bunda o‘simlikning o‘sishi, barg shakli, ko‘sak tuzilishi, chigitli paxta massasi va tola sifati kabi belgilar o‘rganiladi. Mazkur usullar sodda bo‘lsa-da, natijalarga tashqi muhit omillari sezilarli ta’sir ko‘rsatishi mumkin.

Sitogenetik usullar xromosomalarning soni va tuzilishini o‘rganish orqali navlarning kelib chiqishi hamda turlararo farqlarni aniqlash imkonini beradi. Biokimyoviy usullar esa oqsil va ferment tizimlari polimorfizmini tahlil qilish asosida genotiplar o‘rtasidagi farqlarni aniqlashga xizmat qiladi.

Hozirgi vaqtda eng samarali yondashuv molekulyar-genetik usullar hisoblanadi. RAPD, AFLP, SSR va SNP markerlari asosida DNK tahlili genetik xilma-xillikni tashqi muhit ta’siridan mustaqil ravishda yuqori aniqlik bilan baholash imkonini beradi. Genomni sekvensiyalash texnologiyalari esa muhim xo‘jalik belgilarini nazorat qiluvchi genlarni aniqlash va seleksiya jarayonini tezlashtirishga xizmat qilmoqda.

Genetik tadqiqotlar natijalari genetik kolleksiyalarni shakllantirish, noyob genotiplarni saqlash, duragaylash uchun ota-ona shakllarini tanlash hamda yuqori hosildor va stress omillariga chidamli yangi navlarni yaratishda keng qo‘llaniladi. Genomika, bioinformatika va molekulyar biologiyaning rivojlanishi seleksiya samaradorligini sezilarli darajada oshirmoqda.

Xulosa qilib aytganda, g‘o‘za genetik xilma-xilligini chuqur o‘rganish zamonaviy seleksiyaning ilmiy asosini tashkil etadi. Klassik va molekulyar-genetik usullarni kompleks qo‘llash qimmatli genotiplarni aniqlash, raqobatbardosh yangi navlarni yaratish hamda paxtachilikning barqaror rivojlanishini ta’minlashga xizmat qiladi.

Bundan tashqari, genetik resurslarni saqlash va ulardan oqilona foydalanish milliy seleksiya dasturlarining uzoq muddatli muvaffaqiyatini ta’minlaydi. Mahalliy va introduksiya qilingan navlarni kompleks baholash istiqbolli genotiplarni aniqlash, ularni seleksiya jarayoniga jalb etish hamda yangi iqlim sharoitlariga moslashgan navlarni yaratishda muhim ilmiy asos bo‘lib xizmat qiladi. Shuningdek, molekulyar markerlar, fenotipik baholash va bioinformatik

tahlillarni uyg‘unlashtirish seleksiya ishlarining aniqligi va samaradorligini yanada oshiradi.

Kelgusida genetik tadqiqotlarni xalqaro genofond kolleksiyalari bilan integratsiya qilish, raqamli fenotiplash va sun’iy intellekt texnologiyalaridan foydalanish selektsiya ishlarining samaradorligini yanada oshiradi. Bu esa yuqori hosildor, sifatli tolaga ega va ekologik stress omillariga bardoshli g‘o‘za navlarini yaratishga xizmat qiladi.

NGS MA’LUMOTLARI ASOSIDA BAKTERIAL GENOM ASSEMBLY JARAYONI

[1]Boboqulov M.Sh., [1]Abdullayev A.K., [1]Saimnazarov Y.B., [2]Orifjonova U.A., [3]Khalilov I.M. [3]Qobilov F.B. [3]Aliyev Z.Z.

[1]O‘zbekiston Respublikasi Qishloq xo‘jaligi vazirligi, Qishloq xo‘jaligida bilim va innovatsiyalar milliy markazi, Sholichilik ilmiy-tadqiqot instituti;
[2]O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genomika va bioinformatika markazi;
[3]O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Mikrobiologiya instituti.
e-mail: bmurodali97@gmail.com

Mikroorganizmlar genomini o‘rganish zamonaviy genomika va bioinformatikaning muhim yo‘nalishlaridan biridir. Yangi avlod sekvenslash texnologiyalarining (Next Generation Sequencing – NGS) rivojlanishi bakterial genomlarni yuqori aniqlikda o‘rganish imkoniyatlarini kengaytirdi. Biroq sekvenslash natijasida olingan ma’lumotlar to‘g‘ridan-to‘g‘ri foydalanishga tayyor bo‘lmaydi va ularni to‘liq genom ketma-ketligiga yig‘ish uchun bir qator bioinformatik tahlil bosqichlarini amalga oshirish talab etiladi.

Sekvenslashdan so‘ng olingan dastlabki ma’lumotlar raw data deb ataladi. Ushbu ma’lumotlar qisqa DNK fragmentlari – readlar ko‘rinishida bo‘lib, odatda FASTQ formatida saqlanadi. Har bir read nukleotid ketma-ketligi bilan birga sifat ko‘rsatkichlarini ham o‘z ichiga oladi. Sekvenslash jarayonida texnik xatoliklar,

adapter fragmentlari yoki past sifatli nukleotidlar paydo bo‘lishi mumkinligi sababli bioinformatik tahlilning dastlabki bosqichi sifat nazorati hisoblanadi.

Ma’lumotlar sifati Quality Control (QC) jarayonida baholanadi. Ushbu bosqichda readlar sifati, nukleotidlar taqsimoti va GC tarkibi kabi ko‘rsatkichlar tahlil qilinadi. Past sifatli ma’lumotlar filtrlanmasa, ular genom assembly jarayoniga salbiy ta’sir ko‘rsatishi mumkin. Shu sababli sekvenslash natijalarini baholashda FastQC kabi bioinformatik dasturdan keng foydalaniladi.

Genom assembly jarayoni sekvenslash natijasida olingan qisqa readlarni bioinformatik algoritmlar yordamida birlashtirib, organizm genomining uzluksiz yoki yarim uzluksiz ketma-ketligini tiklash jarayonidir. Bu jarayonda readlar o‘rtasidagi o‘xshashliklar aniqlanib, ular contig deb ataluvchi uzun fragmentlarga birlashtiriladi.

Assembly sifatini baholash genom tahlilining muhim bosqichlaridan biri bo‘lib, bunda contiglar soni, genom uzunligi va N50 kabi ko‘rsatkichlar tahlil qilinadi. N50 qiymati qanchalik yuqori bo‘lsa, genom yig‘ilishining sifati shunchalik yuqori deb hisoblanadi. Bakterial genom assembly jarayonida SPAdes assembler dasturi keng qo‘llaniladi, natijalarni statistik baholash uchun QUAST, genomning to‘liqligini aniqlash uchun esa BUSCO dasturlaridan foydalaniladi.

Mazkur ishda sekvenslash ma’lumotlari NCBI Sequence Read Archive (SRA) ma’lumotlar bazasidan yuklab olindi. Tanlangan (Sample Accession: SAMN04096083, Scientific Name: *Escherichia coli* B str. REL606) dataset Illumina platformasida olingan paired-end (150 bp + 150 bp) sekvenslash ma’lumotlarini o‘z ichiga oladi. Raw ma’lumotlar FASTQ formatida (SRR2584863_1.fastq.gz 182.24M va SRR2584863_2.fastq.gz 174.8M) yuklab olinib, keyingi bioinformatik tahlillar uchun tayyorlandi.

Sekvenslash natijasida olingan raw ma’lumotlar sifati FastQC (version 0.12.1) dasturi yordamida baholandi. Dastlabki tahlil natijalariga ko‘ra jami 3.10 million paired-end read aniqlanib, umumiy ma’lumot hajmi 465.9 Mb ni tashkil etdi. O‘qish uzunligi 150 bp bo‘lib, GC tarkibi taxminan 50.7 % ni tashkil qildi. FastQC natijalariga ko‘ra ayrim past sifatli nukleotidlar va adapter fragmentlari mavjudligi aniqlanganligi sababli ma’lumotlarni filtratsiya qilish zarurati kuzatildi.

Sekvenslash ma’lumotlarini tozalash va sifatini yaxshilash maqsadida readlar fastp (version 1.1.0) dasturi yordamida filtrlandi. Filtrlash jarayonidan so‘ng 2.60 million read (83.8%) saqlanib qoldi. O‘rtacha read uzunligi 142 bp ni tashkil etdi. Sifat ko‘rsatkichlari sezilarli darajada yaxshilandi: Q20 bazalar ulushi 89.2 % dan 96.2 % ga, Q30 bazalar ulushi esa 81.6 % dan 89.1 % ga oshdi. GC tarkibi esa 50.6 % atrofida saqlanib qoldi.

Tozalangan sekvenslash ma’lumotlari SPAdes (version 4.2.0) dasturi yordamida genom ketma-ketligiga yig‘ildi. Assembly sifatini baholash QUAST (version 5.3.0) dasturi yordamida amalga oshirildi va tahlil natijalariga ko‘ra genom 208 ta contig dan iborat bo‘lib, umumiy hajmi 4 576 410 bp ni, eng katta contig uzunligi 348 112 bp, N50 ko‘rsatkichi 151 564 bp, GC tarkibi esa 50.72 % ni tashkil qildi. Ushbu ko‘rsatkichlar bakterial genomlar uchun xos bo‘lgan diapazonga mos keladi.

Genomning to‘liqligi BUSCO (version 6.0.0) dasturi yordamida baholandi. BUSCO tahliliga ko‘ra tekshirilgan 124 ta konservativ bakterial genlarning barchasi (100%) to‘liq aniqlangan, fragmentlangan yoki yo‘qolgan genlar aniqlanmadi. Bu natija genom assembly jarayonining yuqori sifatda bajarilganligini va genom ketma-ketligi deyarli to‘liq tiklanganligini ko‘rsatadi.

Shunday qilib, tadqiqot uchun NCBI (SRA) ma’lumotlar bazasidan tanlab olingan bakterial genom sekvenslash ma’lumotlari (SRA accession: SRR2584863) foydalanildi. Sekvenslash ma’lumotlari sifat nazoratidan o‘tkazilib, past sifatli

fragmentlar filtratsiya qilindi va tozalangan readlar asosida genom SPAdes (v4.2.0) assembler yordamida yig‘ildi. Assembly natijasida genom ketma-ketligi 208 ta contig dan iborat bo‘lib, umumiy genom hajmi 4.57 Mb, N50 ko‘rsatkichi 151 kb ni tashkil etdi. BUSCO (v6.0.0) tahliliga ko‘ra konservativ bakterial genlarning 100 % aniqlangan, bu esa genom assembly jarayonining yuqori sifatda bajarilganligini ko‘rsatadi.

BUG'DOYDA BRASSINOSTEROID GORMONI BIOSINTEZIDA ISHTIROK ETUVCHI GENLARNING FUNKSIONAL TAHLILI

Butaev M.

Tusha universiteti, Qishloq xo'jaligi va o'rmon fanlari kafedrasi.
e-mail: madiyorib@gmail.com

Boshqa 5 ta o'simlik gormonlari qatorida BR (brassinosteroid)lar ham muhim steroid bo'lib, o'simlik gormonlari sinfi sifatida ildiz va novdalarning o'sishi, qon tomirlarining differentsiatsiyasi, unumdorligi, gullashi va urug'larning unib chiqishi kabi ko'plab rivojlanish jarayonlarini tartibga solishda ishtirok etadi. Barcha BRlar ishlab chiqarilishida umumiy erta (MVA (mevalon kislotasi) yoki MVA bo'lmagan yo'llar orqali IPP (izopentenil pirofosfat) sintezi) 3 xil parallel C27, C28, va C29 yo’llari bilan boshlanadi. Bu uchta yo'l bir-biri bilan bog'langan bo'lib, sintez oxirida brassinolid (BL) ning asosiy faol BR prekursori bo'lgan kastasteronni hosil bo’lishida ishtrok etadi. Ushbu jarayon biosintezning turli bosqichlarida ta’sir ko‘rsatuvchi bir qator DWF (DWARF) genlari tomonidan boshqariladi. Jumladan, DWF4, DWF5 va DWF1 genlarining har biri BR biosintezida o‘ziga xos reaksiyalarni katalizlaydi. Ular orasida DWF5 har ikkala yo‘lda ham muhim rol o‘ynaydi: u C28-BR biosintezida 5-degidroepisterolning 24-metilin xolesterolga aylanishini katalizlaydi hamda, avenasteroldan izofukosterol/β-sitosterol hosil bo‘lishida ishtirok etadi. Ushbu genlarning

brassinosteroid biosintezidagi roli boshqa g'alla ekinlarida qisman o'rganilgan bo'lsa-da, bug’doy o’simligida o’rganilmagan. Hozirda durum bug’doyi (*Triticum turgidum* ssp. *durum)* cv. Svevo turi genomida mavjud *DWF5* genni aniqlash va ular ustida bioinformatik ishlar amalga oshirilmoqda.

ILLUMINA TEXNOLOGIYASI ASOSIDA DNK SEKVENSLASH VA BIOINFORMATIK TAHLILNING MOLEKULYAR-GENETIK DIAGNOSTIKADAGI O‘RNI

Ergasheva S.M., Aripov A.N., Axundjanova L.L., Ibragimova SH.D., O‘rinboyev I.R.

Respublika ixtisoslashtirilgan pediatriya ilmiy-amaliy tibbiyot markazi;
Mirzo Ulug‘bek nomidagi O‘zbekiston Milliy universiteti.
e-mail: Saboxat.medical21@gmail.com

Zamonaviy molekulyar-genetik diagnostika irsiy kasalliklar, genomik o‘zgarishlar va klinik jihatdan murakkab holatlarni aniqlashda yuqori aniqlikka ega texnologiyalarga tayanadi. So‘nggi yillarda yangi avlod sekvenslash texnologiyalari genomika, bioinformatika va klinik laborator diagnostika sohalarida keng qo‘llanilmoqda. Ushbu texnologiyalar orasida Illumina platformasi yuqori o‘tkazuvchanlik, aniqlik, avtomatlashtirilgan ish jarayoni va bioinformatik tahlil bilan integratsiyalashganligi sababli muhim o‘rin egallaydi.

Illumina texnologiyasi asosida DNK sekvenslashning asosiy bosqichlarini yoritish, sequencing-by-synthesis mexanizmi, flow cell yuzasida klaster hosil bo‘lishi, indeksli va paired-end o‘qishlar hamda bioinformatik tahlilning molekulyar-genetik diagnostikadagi o‘rnini baholashdan iborat.

Tadqiqot nazariy-tahliliy yondashuv asosida olib borildi. Illumina sekvenslash workflow jarayonida namuna tayyorlash, DNK kutubxonasini yaratish, flow cell yuzasida klaster generatsiyasi, sequencing-by-synthesis kimyosi, indeksli o‘qishlar, paired-end sekvenslash va ma’lumotlarni bioinformatik qayta ishlash bosqichlari

tahlil qilindi. Namuna tayyorlash bosqichida ajratilgan va tozalangan DNK fragmentlarga ajratiladi hamda fragmentlarning uchlariga maxsus adapterlar biriktiriladi. Qisqa siklli amplifikatsiya jarayonida sekvenslash primerlari bog‘lanadigan hududlar, indekslar va flow cell yuzasidagi oligonukleotidlarga komplementar ketma-ketliklar qo‘shiladi.

Flow cell maxsus kanallarga ega shisha plastinka bo‘lib, uning yuzasi ikki turdagi oligonukleotidlar bilan qoplangan. DNK fragmentlari adapter hududlari orqali ushbu oligonukleotidlarga birikadi. Polimeraza yordamida komplementar zanjir sintezlanadi, molekula denaturatsiyalanadi va bridge amplification jarayoni boshlanadi. Natijada har bir DNK fragmentidan klonal klasterlar hosil bo‘ladi. Ushbu jarayon massiv parallel sekvenslash uchun asos yaratadi.

Sekvenslash sequencing-by-synthesis prinsipi asosida bajariladi. Har bir siklda fluorescent belgilangan nukleotidlar o‘sayotgan DNK zanjiriga qo‘shilish uchun raqobatlashadi. Shablon ketma-ketligiga mos kelgan bitta nukleotid zanjirga qo‘shiladi va undan ajralgan fluorescent signal qayd etiladi. Signalning to‘lqin uzunligi va intensivligi asosida base calling amalga oshiriladi. Sikllar soni o‘qish uzunligini belgilaydi. Indeksli o‘qishlar bir nechta namunani bitta run davomida tahlil qilishga, paired-end yondashuv esa variantlarni ishonchli aniqlashga yordam beradi.

Sekvenslashdan keyingi bosqichda xom ma’lumotlar sifat nazoratidan o‘tkaziladi va FASTQ formatida saqlanadi. Indekslar yordamida namunalar ajratiladi, forward va reverse o‘qishlar juftlanadi, ketma-ketliklar referens genomga moslashtiriladi va genetik variantlar aniqlanadi. Aniqlangan variantlar gen funksiyasi, patogenlik darajasi, irsiylanish turi va bemor fenotipi bilan bog‘liqligi asosida baholanadi.

Illumina texnologiyasi DNK sekvenslashning zamonaviy, yuqori aniqlikdagi va keng ko‘lamli usullaridan biri bo‘lib, molekulyar-genetik diagnostikaning

rivojlanishida muhim o‘rin tutadi. Namuna tayyorlash, flow cell yuzasida klaster hosil qilish, sequencing-by-synthesis asosida nukleotidlarni o‘qish va bioinformatik tahlilning yagona tizimda birlashishi ushbu texnologiyani klinik laboratoriya amaliyoti uchun samarali platformaga aylantiradi. Illumina asosidagi NGS yondashuvlari irsiy kasalliklarni erta aniqlash va genetik variantlarni baholashda dolzarb ilmiy-amaliy ahamiyatga ega.

CRISPR/Cas9 TADQIQOTLARI UCHUN OPTIMAL gRNK TANLASH

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

O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genomika va bioinformatika markazi.
e-mail: murodov95anvar@gmail.com

Organizmlar genomini tahrirlash CRISPR/Cas9 usuli qo’llanila boshlashi bilan tez va osonlashdi. Bu usul yordamida gRNK ketma-ketligini o’zgartirish orqali deyarli genomning istalgan qismini o’zgartirish imkonini yaratdi. Shuningdek, bir necha xil turdagi gRNKlardan foydalanib, bir vaqtning o’zida genomning turli qismlarida o’zgaritish mumkinligi ushbu usulning ko’plab afzalliklaridan biridir. Lekin genomda faqat maqsadli joyni (on-target) tahrirlash samaradorligi va maqsadli bo’lmagan qismlarida (off-target) mutatsiya keltirib chiqarmaslik turli gRNKlarda turlichadir. Shu sababli CRISPR/Cas9 tadqiqorlarida optimal gRNK tanlash juda muhim sanaladi.

gRNK ikkita qismdan iborat: crRNK (maqsadli sohani taniydigan RNK) va tracrRNA (Cas9 bilan bog'lanadigan RNK). Laboratoriya sharoitida bular ko'pincha bitta molekula — sgRNA (single guide RNK) holatida birlashtiriladi. sgRNK tarkibidagi crRNK 18-20 nukleotid ketma-ketligidan iborat va organizm genomida tahrirlanayotgan joyga komplementar bo’lishi talab qilinadi. Shunigdek, genomning ushbu crRNK birikadigan joyidan oldin PAM ketma-ketligi (NGG)

kerak. Cas oqsili sgRNK yordamida genomni tahrirlashdan oldin ushbu PAM ketma-ketligini qidiradi, so’ngra komplementarlik asosida birikib DNK ikki zanjirini qaychi singari uzadi. Mutatsiya samaradorligi gRNK tarkibidagi CG nukleotidlar miqdori va uning ikkilamchi tuzilishi muhim ahamiyatga ega. Optimal holatda gRNKnig DNK ga komplimentar qismi tarkibida CG miqdori 40-60%, asosiy tanasida bo’rtiq bo’lishi, nexus deb ataluvchi qism va oxirgi qismlarida halqa shaklda bo’lishi talab qilinadi.

Hozirda bir necha bioinformatik web dasturlar yordamida optimal holatdagi gRNK tanlash mumkin. Ular orasida CHOP-CHOP, Benchling va o’simliklar uchun CRISPR-P v2.0 dasturlari keng foydalanilmoqda. Ushbu tadqiqot ishida o’simliklar genomini tahrirlash uchun CRISPR-P v2.0 dasturidan foydalanish va samaradorligi yuqori bo’lgan gRNKlar tanlash haqida malumotlar beriladi.

CRISPR-P v2.0 web dasturi Xitoyning Huazhong Agricultural University tomonidan yaratilgan bioinformatik dastur hisoblanadi. Ushbu dasturning ma’lumotlar omborida ko’plab o’simliklarning to’liq genom ma’lumotlari va annotatsiyalari mavjud bo’lib, bu esa extimoliy off-targetlarni aniqlash va barcha gRNKlarni chuqur tahlil qilishga imkon beradi. Ushbu web dasturi ishga tushirilgandan so’ng, “submit” bo’limiga kiriladi va ma’lumotlar kiritiladi. Avvalo tajriba uchun foydalanilayotgan Cas fermenti xiliga mos ravishda PAM ketma-ketligi tanlanadi, so’ngra o’simliklar uchun optimal hisoblangan U3 va U6 promotorlaridan biri tanlanadi. Keyingi bosqichda 15-22 juft nukleotidlari oralig’idan tajribaga mos ravishda gRNK uzunligi belgilanadi, keyin esa tahrirlanayotgan organism genomi tanlanadi. Shundan so’ng, tahrirlanayotgan gen ID raqami yoki uning genomdagi joyi kiritiladi, agarda ushbu malumotlar mavjud bo’lmasa yoki boshqa hollarda tahrirlanayotgan qismning nukleotidlar ma’lumotlari fasta ko’rinishida kirtiladi va “submit” tugmasi bosiladi. Natijalar oynasi ochilganda, jadval ko’rinishida extimoliy gRNKlar samaradorligiga ko’ra

yuqoridan pastga yo’nalishida ro’yxat hosil bo’ladi. Ushbu ro’yxatdan har bir gRNKning off-score ko’rsatkichi past va nukleotidlar mos kelmaslik ko’rsatkichi (MMs) yuqorilarini tanlab olish tavsiya qilinadi.

Hamma CG miqdori optimal va off-target ko’rsatkichi past bo’lgan gRNKlar ham yuqori faollikka ega bo’lmaydi. Bunga sabab, ko’p hollarda gRNKlarning ikkilamchi tuzulishidagi xilma-xilliklardir. Shuning uchun tanlab olingan gRNKlarning ikkilamchi tuzulishini RNA-fold web dasturida tahlil qilinadi. RNA-fold dasturiga gRNK va uning RNK scaffold tartibi kiritilib, ikkilamchi ko’rinishi tahlil qilinadi va optimal ikkilamchi ko’rinishdagi xillari ya’ni tarkibida DNKga komplimentar qismi ochiq bo’lgan, asosiy tanasi qo’sh zanjirdan tuziligan, nexus bog’lovchi xalqalari bo’lgan va 3’ uchida halqa ko’rinishlari bo’lgan gRNK tanlab olinadi va tajribada foydalanishga tavsiya etiladi.

Yuqorida ko’rsatilgan talablarga mos gRNK tanlash olib borilayotgan tadqiqotning samaradorligini belgilovchi asosiy omillardan biri hisoblanadi.

SITRUS EKINLARIDA GUL TO‘KILISHINI REGULYATSIYA QILUVCHI NOMZOD GENLAR VA ULARNING MOLEKULYAR MEXANIZMLARI

O‘skanov A.Z., Shavkiev J.SH.

O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genetika va o’simliklar eksperimental biologiyasi instituti
e-mail: asadbekoskanov835@gmail.com

Citrus spp. o‘simliklarida gullar va yosh meva tugunchalarining ommaviy to‘kilishi hosildorlikni cheklovchi eng muhim biologik omillardan biri hisoblanadi. O‘zbekistonda limonchilik tarmog‘ini rivojlantirish davlat agrar siyosatining ustuvor yo‘nalishlaridan biri bo‘lib, mahalliy agroiqlim sharoitlariga moslashgan, yuqori hosildor va stress omillariga chidamli navlarni yaratish zamonaviy

molekulyar-genetik tadqiqotlarni talab etadi. Shu nuqtai nazardan, ushbu ishda Citrus o‘simliklarida gul to‘kilishini rag‘batlantiruvchi hamda gullarning saqlanib qolishiga xizmat qiluvchi nomzod genlar va ularning fitogormonlar signalizatsiyasi bilan bog‘liq molekulyar mexanizmlari tahlil qilindi.

Gul ajralish zonasida (*abscission zone*) kechadigan fiziologik jarayonlar fitogormonlar muvozanati hamda tashqi muhitning stress omillari bilan chambarchas bog‘liq. Noqulay ekologik sharoitlar ta’sirida etilen va abssiz kislotasi (ABA) biosintezi faollashadi. Transkriptomik (RNA-Seq) tahlillar natijalari etilen signalizatsiyasi ta’sirida CsERF113 va ERF13 transkripsiya faktorlarining ekspressiya darajasi sezilarli oshishini ko‘rsatadi. Shu bilan birga, ABA biosintezining muhim regulyatori bo‘lgan NCED3 genining faollashuvi ham ajralish zonasining rivojlanishini rag‘batlantiradi. Ushbu signal yo‘llari hujayra devorini degradatsiyalovchi fermentlarni kodlovchi CitPG (poligalakturonaza) va PME (pektinmetilesteraza) genlarining ekspressiyasini kuchaytirib, hujayralararo bog‘lanishlarning zaiflashishiga hamda natijada gul organlarining to‘kilishiga olib keladi.

Bunga qarama-qarshi ravishda, auksin va gibberellin fitogormonlari gullarning saqlanishi hamda meva tugish jarayonini qo‘llab-quvvatlaydi. Gibberellin biosintezida ishtirok etuvchi CsGA20ox va CsGA3ox genlari, shuningdek, auksin transporti va signal uzatilishini boshqaruvchi CsPIN1, CsPIN3 hamda CsARF genlarining yuqori ekspressiyasi etilen signal yo‘lini susaytirib, gul to‘kilishini cheklaydi. Bundan tashqari, CsERF7 geni etilen signalizatsiyasining negativ regulyatori sifatida organlarning saqlanishiga ijobiy ta’sir ko‘rsatadi.

Xulosa qilib aytganda, CsERF113, ERF13, NCED3, CitPG va PME genlari Citrus o‘simliklarida gul to‘kilishini kuchaytiruvchi asosiy nomzod genlar sifatida baholanishi mumkin. Mazkur genlarni RNA-Seq, GWAS va WGCNA kabi

zamonaviy genomik hamda bioinformatik yondashuvlar asosida chuqur o‘rganish O‘zbekiston sharoitiga mos, yuqori hosildor va stress omillariga chidamli Citrus navlarini yaratishda markerlarga asoslangan seleksiya (MAS) strategiyalarini ishlab chiqish uchun muhim ilmiy asos bo‘lib xizmat qiladi.

SITRUS EKINLARIDA GULLAR VA MEVA TUGUNCHALARINI SAQLAB QOLISHNI TARTIBGA SOLUVCHI NOMZOD GENLARNING MOLEKULYAR MEXANIZMLARI

O‘skanov A.Z., Shavkiev J.SH.

O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genetika va o’simliklar eksperimental biologiyasi instituti
e-mail: asadbekoskanov835@gmail.com

Sitrus (*Citrus* spp.) ekinlarida hosildorlikni belgilovchi asosiy biologik jarayonlardan biri gullar va yosh meva tugunchalarining saqlanib qolishidir. Gullash va meva tugish davrida organlarning fiziologik to‘kilishi yakuniy hosildorlikni pasaytiradi. Ayniqsa, yuqori harorat, qurg‘oqchilik, oziqa elementlari tanqisligi va boshqa abiotik stress omillari gul va yosh mevalarning ajralishini jadallashtiradi. Shu sababli O‘zbekistonda intensiv limonchilikni rivojlantirish hamda yuqori hosildor, stress omillariga chidamli navlarni yaratishda gul saqlanishini boshqaruvchi genlarning molekulyar mexanizmlarini o‘rganish muhim ilmiy ahamiyatga ega.

Auksinning polyar transportini boshqaruvchi CsPIN1, CsPIN3 va CsPIN8 genlari auksinning ajralish zonasida to‘g‘ri taqsimlanishini ta’minlaydi. Ushbu genlarning yuqori ekspressiyasi etilen signalizatsiyasini susaytirib, gul bandi hujayralarining yaxlitligini saqlaydi. Shuningdek, CsARF transkripsiya faktorlarining faolligi auksinga javob beruvchi genlar ekspressiyasini nazorat qilib,

hujayra bo‘linishi va differensiyalanishini rag‘batlantiradi. Natijada gullarning saqlanishi va meva tugish ehtimoli ortadi.

Gibberellin biosintezida ishtirok etuvchi CsGA20ox va CsGA3ox genlari biologik faol gibberellinlar sintezini ta’minlab, hujayralarning bo‘linishi va cho‘zilishini faollashtiradi. Bu esa yosh meva tugunchalarining normal rivojlanishiga hamda ularning erta to‘kilishini kamaytirishga xizmat qiladi.

Etilen signal yo‘li organlar ajralishini boshqaruvchi muhim tizimlardan biridir. Biroq CsERF7 geni etilen signalizatsiyasining salbiy regulyatori sifatida CitPG (poligalakturonaza) va PME (pektin metilesteraza) genlarining ekspressiyasini bostiradi. Natijada hujayra devorining mustahkamligi saqlanib, gullar va yosh meva tugunchalarining o‘simlikda uzoqroq muddat saqlanishi ta’minlanadi.

Sitrus ekinlarida gul saqlanishi bilan bog‘liq genlarni aniqlashda RNA-Seq va qRT-PCR kabi zamonaviy molekulyar usullar keng qo‘llanilib, nomzod genlarning funksiyasini baholash hamda molekulyar markerlar yaratishga imkon bermoqda.

Xulosa qilib aytganda, CsPIN1, CsPIN3, CsPIN8, CsARF, CsGA20ox, CsGA3ox va CsERF7 genlari sitrus ekinlarida gullar va yosh meva tugunchalarining saqlanishini boshqaruvchi istiqbolli nomzod genlar hisoblanadi. Ularning ekspressiyasi va allelik xilma-xilligini o‘rganish marker-assotsiatsiyalangan seleksiya (MAS) orqali gul to‘kilishiga kam moyil, yuqori hosildor va abiotik stress omillariga chidamli limon hamda boshqa sitrus navlarini yaratish uchun muhim ilmiy asos bo‘lib xizmat qiladi.

BIOINFORMATIK USULLAR YORDAMIDA O‘SIMLIK GENLARINING TUZILISHI VA FUNKSIONAL TAHLILI

Qahhorova N.O‘.

Guliston davlat pedagogika instituti.
e-mail: nilufarqahhorova14@gmail.com

Bioinformatika – biologik ma'lumotlarni, xususan, genetik va genomik ma'lumotlarni tahlil qilish va saqlash uchun hisoblash usullarini qo‘llashni o‘z ichiga olgan ilmiy soha. Sherinbetova. X. Sh “Bioinformatika usullari va genomik ma’lumotlar analizi” maqolasida keltirilishicha: ushbu yo‘nalish biologiya, informatika, matematika va statistika sohalarining kesishgan nuqtasida joylashgan bo‘lib, biologik ma'lumotlarni tushunishda muhim rol o‘ynaydi. O‘simliklar genomining o‘rganilishi zamonaviy qishloq xo‘jaligining asosiy vazifalaridan biridir. Yer yuzida aholi sonining ortishi, iqlim o‘zgarishi, suv resurslarining kamayishi va tuproq sho‘rlanishi kabi muammolar hosildor, sifatli hamda noqulay muhit sharoitlariga chidamli ekin navlarini yaratishni talab qilmoqda. Bunday vazifalarni amalga oshirishda o‘simliklarning genetik xususiyatlarini chuqur o‘rganish muhim hisoblanadi. Bioinformatik tahlillar yordamida genlarning nukleotid ketma-ketligi, kodlovchi va kodlamaydigan qismlari, intron va ekzonlarning joylashuvi, oqsil mahsulotlarining aminokislota tarkibi, uchlamchi tuzilishi va biologik vazifalari haqida ma’lumot olish mumkin. Bundan tashqari, genlarning evolyutsion kelib chiqishi va turli organizmlar orasidagi o‘xshashlik darajasi ham aniqlanadi. Xudoyberdiyev F.R, Musirmanov Sh.U.larning “Bioinformatika va ma’lumotlarni qayta ishlash” ushbu maqolasida aytiladiki, zamonaviy bioinformatik yondashuvlar va o‘simlik genomlarini bioinformatik usullar yordamida tahlil qilish seleksiya jarayonini tezlashtirish imkonini beradi. Kerakli xususiyatlarga ega genlarni aniqlash orqali molekulyar markerlar ishlab chiqiladi va ularning yordamida istiqbolli navlar tanlab olinadi. O‘zbekiston

sharoitida bug‘doy, paxta, sabzavot va mevali ekinlarning genetik xususiyatlarini bioinformatik usullar yordamida o‘rganish yuqori ilmiy va amaliy ahamiyatga ega. Ayniqsa, qurg‘oqchilik va sho‘rlanishga chidamli navlarni yaratish bugungi qishloq xo‘jaligining dolzarb yo‘nalishlaridan biri hisoblanadi. Shu sababli ushbu omillarga chidamli mahalliy navlarni yaratish uchun stressga javob beruvchi genlarni bioinformatik usullar yordamida aniqlash katta ilmiy va amaliy ahamiyatga ega. Bunday tadqiqotlar oziq-ovqat xavfsizligini ta'minlash, seleksiya samaradorligini oshirish hamda genetik resurslarni saqlashga xizmat qiladi.

МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА ПРЕДСТАВИТЕЛЕЙ РОДОВ *CARABUS* И *ADALIA*

Аллаярова М.М.

Хорезмская академия Маъмуна.
e-mail: abdiolimovna1327@gmail.com

ДНК-баркодирование является одним из наиболее эффективных методов молекулярной идентификации видов. В качестве универсального молекулярного маркера широко используется фрагмент гена субъединицы I цитохромоксидазы (COI) митохондриальной ДНК, характеризующийся низкой внутривидовой и высокой межвидовой изменчивостью, что обеспечивает надёжное разграничение видов.

В настоящем исследовании проанализированы последовательности гена COI представителей родов *Carabus* и *Adalia*, собранных на территории Нижнего Амударьинского региона. Полученные последовательности сопоставлены с данными базы GenBank (NCBI). Генетические расстояния рассчитаны по моделям Kimura 2-parameter (K2P) и p-distance, филогенетические связи реконструированы методом Maximum Likelihood.

Для *Carabus cancellatus* получен фрагмент гена COI длиной 635 п.н. Внутривидовое генетическое расстояние составило всего 0,15%, а между узбекистанским образцом и последовательностями GenBank (MH020418, MH020417, PV770281) различий не выявлено (0%), что подтвердило правильность видовой идентификации. Межвидовые расстояния внутри рода *Carabus* составили 0,093–0,160, тогда как расстояние до внешней группы Nebria satrapa достигало 0,692–0,713. На филогенетическом дереве образец *C. cancellatus* образовал единый кластер с референсными последовательностями при высокой бутстреп-поддержке (98%). Виды *C. deyrollei* и *C. granulatus* сформировали отдельную хорошо поддержанную кладу (98–100%), а *C. lusitanicus* и *C. jankowskii* объединились в самостоятельный субкластер. Для *Adalia bipunctata* секвенирован фрагмент COI длиной 632 п.н. Внутривидовое расстояние также составило 0,15%, различий с референсной последовательностью GenBank (MH115506) не обнаружено. Узбекский образец сформировал монофилетическую кладу с бутстреп-поддержкой 100%. Межвидовые генетические расстояния внутри рода *Adalia* варьировали от 2,21 до 23,95%. Минимальные значения отмечены между *A. bipunctata* и *A. frigida*, более высокие — между *A. bipunctata* и *A. tetraspilota* (6,15–6,31%) и *A. decempunctata* (11,02–11,81%). Наибольшая дивергенция выявлена с представителем внешней группы *Propylea fasciata* (22,85–23,95%). Филогенетический анализ показал образование отдельных хорошо поддержанных клад для *A. frigida* (99%) и *A. tetraspilota* (100%), при этом *A. bipunctata* и *A. frigida* определены как сестринские линии.

Полученные результаты подтверждают высокую эффективность гена COI как молекулярного маркера для точной идентификации представителей родов *Carabus* и *Adalia* и анализа их филогенетических взаимоотношений. Низкий уровень внутривидовой изменчивости (0–0,16%) при значительно

более высоких межвидовых различиях (2,21–23,95%) свидетельствует о наличии выраженного barcoding gap. Полученные данные создают основу для дальнейших молекулярно-таксономических исследований, оценки биоразнообразия и изучения энтомофауны тугайных лесов Нижнего Амударьинского региона.

МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ИДЕНТИФИКАЦИЯ ШТАММОВ *FUSARIUM ACUMINATUM* И *FUSARIUM EQUISETI*, ВЫДЕЛЕННЫХ ИЗ БОЛЬНЫХ ОБРАЗЦОВ ПШЕНИЦЫ В УЗБЕКИСТАНЕ

Аскарова З.Р., Шеримбетов А.Г., Рузметов Д.Р., Рамазонов Ж.Д., Бойкобилов Ж.Б.

Институт генетики и экспериментальной биологии растений.
e-mail: zariiina.95@gmail.com

Своевременный мониторинг и точная верификация возбудителей опасных грибных инфекций, таких как фузариоз колоса, фузариозное увядание и корневые гнили зерновых культур, имеют стратегическое значение для обеспечения продовольственной безопасности Республики Узбекистан. Ввиду высокого внутривидового полиморфизма и пластичности патогенов традиционные микологические методы экспресс-диагностики часто оказываются недостаточными. В связи с этим в ходе выполнения диссертационного исследования была проведена комплексная оптимизация ПЦР-диагностики для быстрой и надежной видовой идентификации микромицетов рода *Fusarium*.

Объектами исследования послужили репрезентативные изоляты грибов, выделенные из пораженных посевов мягкой пшеницы (*Triticum aestivum* L.) в различных агроклиматических зонах республики, включая Ташкентскую

(районы Янгибазар и Паркент) и Бухарскую области. На основе молекулярно-генетического анализа последовательностей вариабельного ITS-региона ядерной рДНК исследуемые фитопатогены были однозначно верифицированы как *Fusarium acuminatum* (штаммы Т-12, Т-13, Т-14) и *Fusarium equiseti* (штаммы Т-15, Т-16).

Финальным этапом подтверждения высокой точности и воспроизводимости разработанного протокола оптимизированной ПЦР-диагностики стала успешная регистрация полученных нуклеотидных последовательностей (длиной от 584 до 605 п.н.) в международных базах данных NCBI GenBank, EMBL-EBI и DDBJ. По результатам депонирования штаммам были присвоены уникальные международные идентификационные номера доступа: PZ194281, PZ194410, PZ194414, PZ194422 и PZ194660.

Полученные чистые культуры и их генетические паспорта официально депонированы в генофонд уникальных научных объектов Института генетики и экспериментальной биологии растений АН РУз («Фитопатоген и другие микроорганизмы»). Данная коллекция зарегистрирована в международном центре WDCM под номером №1228. Внесение этих данных существенно расширяет национальную электронную базу информационно-аналитической системы, обогащает генофонд полезных научных объектов и открывает широкие возможности для проведения сравнительного филогенетического анализа локальных узбекистанских штаммов с мировыми аналогами, изолированными в других регионах планеты.

GENEPURITY ANALYZER: АВТОМАТИЗИРОВАННЫЙ ИНСТРУМЕНТ ДЛЯ РАСЧЕТА ГЕНЕТИЧЕСКОЙ ЧИСТОТЫ СОРТООБРАЗЦОВ

Базаров Д.К., Мирзабаев Д.А., Салахутдинов И.Б., Раджапов Ф.С.

Центр геномики и биоинформатики АН РУз.
e-mail: admin@genomics.uz

Определение генетической чистоты сортообразцов сельскохозяйственных культур является фундаментальной задачей современного семеноводства. Традиционный метод оценки по морфологическим признакам (Grow-Out Test) сильно зависит от условий окружающей среды и занимает полный вегетационный период. Закономерной альтернативой в лабораторной практике стало использование молекулярных ДНК-маркеров, в частности микросателлитов (SSR), которые обеспечивают высокую точность и не зависят от внешних факторов. Получаемые аллельные профили эффективно преобразуются в цифровой бинарный формат, где присутствие конкретного аллеля обозначается как «1», а его отсутствие — как «0». Однако ручная обработка многомерных бинарных матриц при анализе больших выборок крайне трудоемка и повышает риск ошибок, что обуславливает острую необходимость в создании доступных автоматизированных IT-решений для селекционеров.

Для решения этой задачи было разработано и апробировано веб-ориентированное программное обеспечение GenePurity Analyzer, предназначенное для автоматизированного расчета генетической чистоты на основе алгоритмов попарного сравнения бинарных данных. Вычислительное ядро калькулятора базируется на применении метрики расстояния Хэмминга и коэффициента Жаккара. Для корректной интерпретации результатов в алгоритм заложен биологически обоснованный порог генетической чистоты

сорта на уровне 80%. Данный показатель был выведен на основе генетических закономерностей теории беккроссинга как среднее арифметическое между долей повторяющегося генома донора в поколениях BC1 (75,0%) и BC2 (87,5%). Практическая верификация инструмента проводилась на выборке из двух сортов хлопчатника, каждый из которых был представлен 16 образцами.

В ходе исследования приложение успешно автоматизировало процесс фильтрации данных, исключив позиции с неопределенным результатом, и рассчитало матрицы попарных расстояний. Анализ показал, что первый сорт обладает высоким уровнем генетической однородности: степень схожести по методу Хэмминга составила 93,63%, а по коэффициенту Жаккара — 87,41%, что значительно превышает установленный порог и подтверждает статус чистого сорта. Напротив, второй сорт продемонстрировал гетерогенность. Средний показатель схожести по Хэммингу для него составил лишь 72,45%, что прямо указывает на наличие чужеродных генетических примесей. При этом коэффициент Жаккара показал еще более резкое падение до 60,43%. Это объясняется математической особенностью метода Жаккара, который склонен избыточно занижать процент сходства в гетерогенных выборках из-за игнорирования совпадений по отсутствию признаков (совместных нулей).

Результаты практической апробации на реальных данных убедительно подтверждают, что использование метрики расстояния Хэмминга предоставляет более взвешенную и биологически адекватную оценку сортовой чистоты при анализе полных SSR-профилей. Кроме того, программный алгоритм обладает необходимой гибкостью и при утверждении новых нормативных стандартов может быть легко перенастроен на более строгие пороги чистоты, соответствующие другим поколениям беккроссинга.

СРАВНИТЕЛЬНАЯ ОЦЕНКА ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКОЙ ИНФОРМАТИВНОСТИ МАРКЕРОВ RBCL И PSBA-TRNH ДЛЯ ВИДОВОЙ ИДЕНТИФИКАЦИИ РОДА *RANUNCULUS* L.

Верчук А.Н., Кубрак С.В., Кильчевский А.В.

Государственное научное учреждение «Институт генетики и цитологии Национальной академии наук Беларуси».
e-mail: a.n.verchuk@mail.ru

Род *Ranunculus* L. является одним из наиболее таксономически сложных среди цветковых растений из-за высокой морфологической пластичности и межвидовой гибридизации. Для уточнения таксономической структуры с помощью генетических методов требуется предварительная оценка разрешающей способности используемых молекулярных маркеров. Цель данной работы – сравнить дифференцирующую эффективность двух хлоропластных маркеров (*rbcL* и *psbA-trnH)* с применением методов генетических расстояний и машинного обучения.

В анализ были включены последовательности из базы данных NCBI. Для маркера *rbcL* использовано 407 нуклеотидных последовательностей (около 550 п.н.), относящихся к 92 видам рода *Ranunculus*. Для маркера *psbA-trnH* – 56 последовательностей, охватывающих 29 видов (около 230 п.н.). Оценку внутри- и межвидовой дифференциации проводили с помощью модели Кимуры (K2P), для количественной оценки классификационной способности использовался алгоритм Random Forest, рассчитаны precision, recall и F1-мера.

Для маркера *rbcL* установлено, что межвидовые генетические дистанции варьируют от 0 до 0.045, внутривидовые – от 0 до 0.024. Наблюдается перекрытие дистанций, что свидетельствует о неполной видовой дифференциации. Средняя внутривидовая дистанция — 0.0046, межвидовая — 0.0142, индекс баркодирования 3.09, что указывает на умеренную, но недостаточную дифференцирующую способность. Эти данные согласуется с низким средним F1 (0.54), и подтверждается

результатами машинного обучения: высокую F1-меру (1.00) показали только два вида – *Ranunculus testiculatus* и *R. brotherusii*. Для *R. pygmaeus* F1 достигла 0.96 (precision 0.933, recall 1.0), а также 10 видов с F1 в диапазоне 0.90-0.70. В то же время для 11 видов (включая *R. bulbosus, R. macounii, R. trichophyllus, R. alismifolius*) F1-мера оказалась равной 0.00, что означает полное отсутствие дифференциации по маркеру *rbcL*. Наилучшие показатели для широко распространенных видов: *R. acris* (F1=0.772), *R. sceleratus* (F1=0.778) и *R. repens* (F1=0.538). Средний взвешенный F1 по всем 92 видам составил 0.54, что указывает на низкую пригодность *rbcL* как единственного баркодирующего маркера для данного рода.

Для маркера *psbA-trnH* количественная оценка метрик классификации (precision, recall, F1) не проводилась из-за малого количества выборок (всего 56 последовательностей для 29 видов) и высокой дисперсии. Для видов, представленных несколькими образцами, наблюдается высокая внутривидовая вариабельность: например, *R. polyrhizos* – 0.141, *R. grandiflorus* – 0.134, *R. repens* – 0.051, что превышает типичные внутривидовые значения для хлоропластных маркеров и может свидетельствовать о наличии дупликаций и делеций, характерных для данного маркера. Межвидовые дистанции достигают 0.29 (например, между *R. testiculatus* и *R. hispidus*), что указывает на потенциально более высокую вариабельность этого маркера по сравнению с *rbcL*. Средняя внутривидовая дистанция — 0.0224, межвидовая — 0.1162, индекс баркодирования 5.19, что свидетельствует о потенциально лучшей разрешающей способности маркера *psbA-trnH*.

Таким образом, маркер *rbcL* демонстрирует удовлетворительную, но недостаточную видовую дифференциацию, позволяя уверенно идентифицировать лишь единичные таксоны. Маркер *psbA-trnH* является более перспективным, и для решения задач молекулярного баркодирования рода *Ranunculus* рекомендовано использование комбинации двух маркеров.

Работа выполняется при поддержке Белорусского республиканского фонда фундаментальных исследований, конкурс проектов БРФФИ-МВОНИ-2026, договор №Б26УЗБ-008.

ИТОГИ И ПЕРСПЕКТИВЫ СОТРУДНИЧЕСТВА БЕЛАРУСИ И УЗБЕКИСТАНА В МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИХ ИССЛЕДОВАНИЯХ ФЛОРЫ

[1]Кильчевский А.В., [2]Тожибаев К.Ш., [1]Кубрак С.В., [1]Верчук А.Н., [1]Савина Н.В., [2]Юсупов З.О., [2]Никитина Е.В.

[1]Государственное научное учреждение «Институт генетики и цитологии Национальной академии наук Беларуси»;
[2]Институт ботаники Академии наук Республики Узбекистан
e-mail: Kilchev@presidium.bas-net.by

Сотрудничество между Институтом генетики и цитологии НАН Беларуси и Институтом ботаники АН Республики Узбекистан в области молекулярно-генетической идентификации растений началось в 2019 году. За прошедший период совместные исследования стали важным этапом в развитии современного направления изучения национальной флоры Узбекистана и Беларуси.

Итоги двух завершённых проектов подтвердили эффективность ДНК-штрихкодирования для решения задач сохранения биоразнообразия и молекулярной аутентификации лекарственно ценных растений. Белорусской стороной были исследованы 47 видов лекарственных растений, включённых в Государственную фармакопею, а также редкие охраняемые таксоны семейств Lamiaceae, Asteraceae и Rosaceae. Узбекской стороной на первом этапе были изучены 60 краснокнижных видов флоры Узбекистана, относящихся к семействам Lamiaceae, Liliaceae, Iridaceae; на втором этапе — 18 лекарственно ценных видов семейств Lamiaceae и Asteraceae. Для молекулярной идентификации использованы хлоропластные маркеры *rbcL, psbA-trnH, matK, trnL-trnF* и ядерный *ITS2*. Наибольшая информативность отмечена для *ITS2*, обеспечивающего разграничение родов и ряда видов; для *psbA-trnH* — высокая

вариабельность при неодинаковой разрешающей способности; для *matK* — ограниченная эффективность; для консервативного *rbcL* — преимущественная пригодность для подтверждения семейственной принадлежности. Совпадение консенсусных последовательностей с данными GenBank и BOLD на уровне 99–100% подтвердило эффективность ДНК-штрихкодирования для аутентификации исследованных таксонов.

Значимым практическим итогом исследований, полученных узбекской стороной, стало создание молекулярных инструментов для идентификации лекарственно ценных растений. Были сконструированы и синтезированы 15 пар видоспецифических праймеров для видов родов *Lagochilus, Leonurus, Helichrysum, Ziziphora* и *Inula*. Выявлены наиболее эффективные праймеры для *Helichrysum nuratavicum* (*psbD-trnG-UCC*), *Leonurus turkestanicus* (*petN-psbM*) и *Inula grandis* (*matK*), обеспечивающие видоспецифическую идентификацию и дифференциацию целевых таксонов от близкородственных видов.

В результате реализации двух проектов сформирован значительный массив молекулярно-генетических данных растений, ставший основой для их систематизированного хранения, анализа и практического использования. Создана референсная база лекарственных растений, объединяющая геоботанические сведения и последовательности ДНК-штрихкодов; разработана методика привязки генетической информации к гербарным образцам с помощью QR-кодов. Собранный в Беларуси и полученный в Узбекистане биологический материал, включая редкие и исчезающие виды, включён в коллекцию Республиканского банка ДНК в Беларуси. В GenBank белорусской стороной депонировано более 50, узбекской стороной — более 200 консенсусных нуклеотидных последовательностей, что вносит вклад в глобальную систему каталогизации биоразнообразия.

Новый проект выводит сотрудничество на принципиально иной уровень, смещая фокус от молекулярной идентификации отдельных таксонов к комплексному

изучению эволюционных процессов, механизмов дивергенции, биогеографических закономерностей и оценке представителей рода *Ranunculus* как новых источников биологически активных соединений. Ареал исследования охватывает горные массивы Средней Азии и равнинные территории Восточной Европы, что позволяет сопоставить разнообразие видов рода *Ranunculus* в контрастных биогеографических условиях. Ключевым направлением проекта является комплексное исследование молекулярной филогении, биогеографии и эволюционной истории рода *Ranunculus* на основе мультилокусных данных, цитогенетики, биогеографического моделирования и анализа полиморфизма генов вторичных метаболитов для выявления закономерностей видообразования, ареального распределения и таксономического разнообразия видов рода. Проект предусматривает секвенирование ядерных и хлоропластных маркеров, разработку специфических праймеров для генов метаболических путей, уточнение таксономической структуры рода и создание базы морфологических, молекулярных и биогеографических данных. Итогом проекта станет установление филогенетических связей рода *Ranunculus*, выявление хромосомной изменчивости, центров диверсификации и путей миграции видов, апробация специфических праймеров, а также оценка ресурсного потенциала малоизученных представителей рода как возможных источников биологически активных веществ.

Таким образом, белорусско-узбекское научное сотрудничество в области ДНК-штрихкодирования сформировало прочную научную платформу и характеризуется устойчивой позитивной динамикой. Результаты исследований востребованы и являются научной основой для систематики растений, сохранения биоразнообразия, фармакогнозии. Стратегической перспективой дальнейшего взаимодействия является переход к анализу полногеномных данных с использованием технологий секвенирования нового поколения (NGS), что позволяет выйти на новый уровень понимания микроэволюционных процессов и закономерностей формирования биоразнообразия Евразийского региона.

ИНТЕГРАЦИЯ ГЕНОМНЫХ И АМПЕЛОГРАФИЧЕСКИХ ДАННЫХ: НОВЫЕ ПОДХОДЫ К ИЗУЧЕНИЮ И ПАСПОРТИЗАЦИИ ВИНОГРАДА УЗБЕКИСТАНА

Мирзабаев Д.А., Салахутдинов И.Б., Камбурова В.С., Раджапов Ф.С., Усмонов Д.Э.

Центр геномики и биоинформатики АН РУз.
e-mail: dmitriy08m@gmail.com

Виноград (*Vitis vinifera* L.) – важнейшая агрокультура Узбекистана с уникальным, но недостаточно изученным генофондом, исторически повлиявшим на формирование евразийских коллекций. Поскольку традиционные методы идентификации зависимы от внешних факторов и недостаточно достоверны, необходим переход к современным молекулярно-генетическим технологиям для точной паспортизации и оценки родства сортов.

Для глубокого анализа генетических ресурсов и развития маркер-ориентированной селекции крайне перспективно внедрение полногеномного секвенирования с низким покрытием (genome skimming). Этот метод позволяет высокоточно оценивать внутри- и межсортовую генетическую вариабельность на уровне целого генома, преодолевая ограничения традиционных подходов.

Важнейшим этапом таких исследований выступает создание эталонных (референсных) геномов локальных сортов. Наибольшую эффективность здесь демонстрирует гибридная сборка de novo, оптимально объединяющая точность коротких и разрешающую способность длинных прочтений. Последующая структурно-функциональная аннотация на основе транскриптомных данных и верификация классическим SSR-анализом

открывают принципиально новые возможности для понимания генетической архитектуры винограда.

В качестве практической реализации данных подходов, на сегодняшний день нашим исследовательским коллективом выполнена первичная сборка и аннотация геномов 12 автохтонных сортов винограда Узбекистана. В частности, исходные данные и результаты полногеномной сборки автохтонного сорта Паркент уже депонированы в международную базу данных NCBI (идентификатор доступа: PRJNA905061). Параллельно с молекулярными исследованиями нашим коллективом также ведутся активные работы по созданию электронной базы данных ампелографической коллекции сортов винограда Узбекистана. Дальнейшие масштабные исследования будут направлены на массовое генотипирование сортов винограда Узбекистана с использованием метода геномного скиминга. Одновременно с этим планируется создание и глубокая структурно-функциональная аннотация эталонного референсного генома одного из ключевых среднеазиатских сортов на основе полногеномного секвенирования и сборки генома de novo с применением гибридного подхода.

На основе полученных геномных данных будут разработаны современные инструменты высокоразрешающего генотипирования, включая специализированную SNP-панель, учитывающую полиморфизмы среднеазиатских сортов. Это позволит провести исчерпывающий анализ генетического разнообразия и достоверно установить филогенетические связи исследуемых форм. Интеграция фенотипических описаний из создаваемой базы данных с молекулярными генетическими паспортами станет основой для формирования единой комплексной информационной платформы местных сортов. Ожидается, что данные результаты сформируют надежную фундаментальную основу для управления генофондом региона:

они обеспечат точную идентификацию сортов, правовую защиту интеллектуальной собственности отечественных селекционеров, а также позволят существенно повысить эффективность селекционных программ за счет маркер-ориентированного отбора родительских форм и конструирования новых сортов методами генной инженерии.

ИНДЕКС MGIDI В СЕЛЕКЦИИ РАСТЕНИЙ (НА ПРИМЕРЕ ОТБОРА СОЛЕУСТОЙЧИВЫХ СОРТОВ ХЛОПЧАТНИКА)

Мирзабаев Д.А., Салахутдинов И.Б., Камбурова В.С., Раджапов Ф.С., Усмонов Д.Э.

Центр геномики и биоинформатики АН РУз.
e-mail: dmitriy08m@gmail.com

В современной селекции растений широко применяется концепция «идеотипа» – одельного генотипа с оптимальным набором хозяйственно ценных признаков. Традиционный для отбора таких признаков – индекс Смита-Хейзела (SH) уязвим к высокой корреляции (мультиколлинеарности) оцениваемых показателей, что приводит к искажению весовых коэффициентов и неверной оценке генетического потенциала. Эффективным решением этой проблемы выступает мультитрейтовый индекс расстояния «генотип-идеотип» (MGIDI). Вычислительная модель этого индекса включает четыре этапа: (1) нормирование значений признаков в едином диапазоне (от 0 до 100); (2) применение факторного анализа для устранения мультиколлинеарности и снижения размерности данных; (3) моделирование целевого «идеотипа» на основе оптимальных значений; (4) вычисление математической дистанции между каждым исследуемым генотипом и идеотипом. Поскольку данный алгоритм позволяет объективно проводить оценку сразу по множеству параметров, он открывает новые возможности для

селекции на стрессоустойчивость. Исходя из этого, была проведена оценка практической эффективности алгоритма MGIDI при комплексном отборе наиболее устойчивых к засолению генотипов хлопчатника (*Gossypium hirsutum* L.) на основе их физиолого-морфологических показателей.

Материалами для исследования послужили 28 сортов хлопчатника: Afsona, Baraka, Buhoro-10, Buhoro-102, Buhoro-14, Buhoro-6, C-4727, Chimboy, Chuntay-2, Gulbahor-2, Ishonch, Jinken-1402, Junjen, Kelajak, Kupaysin, Namangan-102, Namangan-34, Namangan-77, Nasaf, Novbahor-2, Omad, Porloq-1, Ravnaq-1, Sulton, TM-1, Turkan, Xin Lu Zhong-87 и Xin Lu Zoa-78. Комплексная оценка их солеустойчивости проводилась по морфофизиологическим показателям, таким как относительная всхожесть (RGP), выживаемость проростков (SP), индекс всхожести (GI), энергия прорастания (GE), сырая масса корня (FRW), длина стебля до эпикотиля (SL), длина корня (RL) и общая длина проростка (TL), а также по активности антиоксидантных ферментов – каталазы (CAT) и супероксиддисмутазы (SOD), содержанию хлорофилла *a* (Chl. *a*) и уровню малонового диальдегида (MDA) как индикатора интенсивности перекисного окисления липидов. Отбор наиболее перспективных генотипов осуществлялся с применением мультитрейтового индекса MGIDI при интенсивности селекционного давления 20%, при этом векторы целевого идеотипа были направлены на максимизацию всех параметров, за исключением уровня MDA, который минимизировался как маркер повреждения клеточных мембран при окислительном стрессе; подробная методология эксперимента и основные результаты работы представлены здесь: https://doi.org/10.14719/pst.12364.

Анализ выявил варьирование значений MGIDI среди 28 генотипов от 1,21 до 4,88. При селекционном давлении 20% алгоритм выделил четыре лучших сорта с минимальной дистанцией до целевого идеотипа: TM-1 (1,21),

Chimboy (1,32), Porloq-1 (1,39) и Buhoro-6 (1,46). Данные генотипы обладают наиболее сбалансированным комплексом признаков в условиях засоления: сохраняют высокие ростовые показатели, активную антиоксидантную защиту (CAT, SOD, Chl.a) и минимальное повреждение клеточных мембран (низкий уровень MDA). Наибольшая чувствительность к стрессу отмечена у сорта Omad (4,88).

Столь выраженная дифференциация генотипов по их адаптивному потенциалу подтверждает высокую разрешающую способность примененной методологии. Это обеспечило исключительную точность комплексного отбора наиболее устойчивых к засолению сортов за счет эффективного устранения мультиколлинеарности физиолого-морфологических показателей.

ЛАБОРАТОРНАЯ КОЛЛЕКЦИЯ ФИТОПАТОГЕНОВ РОДА *Fusarium* КАК НАУЧНО-МЕТОДИЧЕСКАЯ ПЛАТФОРМА ДЛЯ МОЛЕКУЛЯРНОЙ ИДЕНТИФИКАЦИИ И МОНИТОРИНГА

Раджапов Ф.С., Тожибоева Д.И., Мирзабаев Д.А., Базаров Д.К., Камбурова В.С., Салахутдинов И.Б.

Центр геномики и биоинформатики АН РУз.

e-mail: farhod.radjapov@yandex.ru

Грибы рода *Fusarium* являются одними из наиболее экономически значимых и космополитных фитопатогенов, поражающих стратегически важные сельскохозяйственные культуры. Вызываемые ими сосудистые увядания, корневые гнили и другие фузариозные заболевания приводят к существенным потерям урожая, а продуцируемые микотоксины представляют серьезную угрозу продовольственной и биологической безопасности. В этих условиях особое значение приобретает создание

специализированных лабораторных коллекций, обеспечивающих сохранение, систематизацию и комплексное изучение возбудителей фузариозов.

В Центре геномики и биоинформатики формируется лабораторная коллекция фитопатогенов рода *Fusarium*, которая в настоящее время насчитывает более 100 изолятов, выделенных из пораженных растений, семян, почвы и растительных остатков, собранных в различных регионах Республики Узбекистан. Основу коллекции составляют моноспоровые изоляты, сопровождаемые паспортными данными о происхождении, морфологических признаках и результатах первичной микологической идентификации. На сегодняшний день идентифицированы представители видов *Fusarium oxysporum* f. sp. *vasinfectum, Fusarium solani* и *Fusarium verticillioides*.

Концепция развития коллекции предусматривает переход от традиционного морфологического описания к комплексной молекулярно-генетической характеристике каждого изолята. Для подтверждения видовой принадлежности применяется комплекс классических и молекулярно-генетических методов, включающий анализ культуральных и микроскопических признаков, ПЦР и секвенс-анализ маркерных участков ДНК на основании однокопийных генов. Дальнейшее развитие коллекции предусматривает интеграцию мультилокусного секвенирования (MLST), полногеномного профилирования и цифровых досье изолятов. Параллельно проводятся исследования по оценке вирулентности, патогенности и факторов агрессивности фитопатогенов, создающие основу для отбора устойчивого исходного материала и проведения селекционных и фитопатологических исследований.

Интеграция фенотипических, молекулярно-генетических и геномных данных позволит создать современную научно-практическую платформу для

мониторинга популяционной структуры фитопатогенов, изучения взаимодействия в системе «хозяин–патоген», разработки молекулярных методов диагностики, а также для селекционных исследований и биотехнологии. Таким образом, лабораторная коллекция фитопатогенов рода *Fusarium* рассматривается не только как биоресурс для хранения изолятов, но и как научно-методическая основа для развития современной молекулярной фитопатологии и создания новых подходов к молекулярной идентификации и мониторингу фитопатогенов.

КОМПЛЕКСНАЯ ОЦЕНКА СОЛЕУСТОЙЧИВОСТИ СОРТОВ ХЛОПЧАТНИКА (*Gossypium hirsutum* L.) С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ МОРФОМЕТРИЧЕСКИХ И МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИХ ПОДХОДОВ

Раджапов Ф.С., Салахутдинов И.Б., Тожибоева Д.И., Мирзабаев Д.А., Базаров Д.К., Камбурова В.С.

Центр геномики и биоинформатики АН РУз.
e-mail: farhod.radjapov@yandex.ru

Засоление почв является одним из основных абиотических факторов, ограничивающих продуктивность сельскохозяйственных культур. Для Узбекистана, где значительная часть орошаемых земель подвержена засолению, создание солеустойчивых сортов хлопчатника остается одной из приоритетных задач современной селекции. В связи с этим целью настоящего исследования являлась комплексная оценка устойчивости сортов хлопчатника к солевому стрессу с использованием морфометрических и молекулярно-генетических подходов.

Объектами исследования являлись 28 сортов хлопчатника (*G. hirsutum* L.) местной и зарубежной селекции, включая референтный сорт TM-1 (США).

Эксперименты проводили в контролируемых условиях фитотрона (освещенность 1000 лк, фотопериод 16/8 ч, температура 28–30 °C). Солевой стресс моделировали внесением NaCl в концентрациях 0, 50, 100, 150 и 200 мМ. На 21-е сутки оценивали восемь ключевых морфометрических показателей: относительную всхожесть семян, выживаемость проростков, индекс всхожести за 10 суток, энергию прорастания, относительную сырую массу, относительную длину побега, относительную длину корня и общую длину проростка. Измерение длины проводили по цифровым изображениям с использованием программы ImageJ 1.53e. На основе математического интегрирования восьми нормализованных MFV-параметров (Multi-Factor Value) была составлена итоговая классификация сортов по солеустойчивости, а для отбора перспективных генотипов использован индекс MGIDI (Multi-Trait Genotype–Ideotype Distance Index).

Наиболее высокий уровень солеустойчивости продемонстрировали сорта отечественной селекции Бухоро-10, Барака и Бухоро-6, сохранившие высокие показатели линейного роста и накопления сырой биомассы во всем диапазоне исследованных концентраций NaCl. По результатам комплексной оценки были выделены 12 контрастных генотипов, распределенных по четырем группам: высокоустойчивые, толерантные, среднеустойчивые и чувствительные (по три сорта в каждой группе), которые рекомендованы для дальнейших физиолого-биохимических и молекулярно-генетических исследований.

Для последующего изучения молекулярных механизмов солеустойчивости был оптимизирован протокол выделения тотальной РНК из тканей хлопчатника, обеспечивающий получение высококачественного материала как из контрольных растений, так и после воздействия солевого стресса. Для молекулярно-генетических исследований использованы

разработанные нами ранее 25 праймеров и 17 зондов к ключевым регуляторам SOS-пути — генам CBL10 (SCaBP8), CIPK1 (CIPK8) и CIPK11 (PKS5). Для анализа экспрессии отобраны только успешно валидированные комбинации праймеров и зондов; в настоящее время проводится количественная оценка экспрессии целевых генов.

Проведенная комплексная оценка позволила выделить перспективные доноры солеустойчивости, а оптимизация протокола выделения РНК и валидация праймеров и зондов для анализа экспрессии генов SOS-пути создают научно-методическую базу для молекулярного скрининга и ускоренной селекции более устойчивых форм хлопчатника.

МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЙ ДИАГНОСТИКА И ОПТИМИЗАЦИЯ ПЦР-АМПЛИФИКАЦИИ ГРИБОВ РОДА *FUSARIUM* В УЗБЕКИСТАНЕ

Рамазонов Ж.Д. Аскарова З.Р., Шеримбетов А.Г.,
Рузметов Д.Р., Бойкобилов Ж.Б.

Институт генетики и экспериментальной биологии растений.
e-mail: zariiina.95@gmail.com

Точная видовая верификация грибов рода *Fusarium* имеет ключевое значение для фитосанитарного мониторинга зерновых культур. Традиционная морфологическая идентификация часто затруднена из-за фенотипической вариабельности близкородственных видов, что требует оптимизации молекулярных методов. Целью исследования явилась оптимизация параметров ПЦР и сравнительная оценка трех маркеров (ITS, *TUB2*, *TEF1-α*) для идентификации 10 изолятов *Fusarium*, выделенных из мягкой пшеницы в Бухарской и Ташкентской областях. Экстракцию ДНК проводили набором GeneJET Genomic DNA Purification Kit.

Эффективность амплификации во многом зависит от кофактора ДНК-полимеразы — ионов магния. При первичной ПЦР фрагмента гена *tef1-α*

(праймеры EF1-1/EF1-2) у ряда образцов целевой продукт не синтезировался. Для оптимизации условий было проведено варьирование концентрации $MgCl_2$ от 0,75 до 1,8 мМ. Электрофорез показал, что при 0,75 мМ продукт отсутствовал, при 1,0 мМ появлялись слабые полосы, при 1,4 мМ — полосы средней интенсивности, а стабильный синтез высокоинтенсивного специфического ампликона достигнут при концентрации 1,8 мМ, которая и была определена как оптимальная.

Сравнительный анализ показал, что маркер ITS успешно амплифицировался, но обладал низкой разрешающей способностью для дифференциации близких видов. Ген β-тубулина (*TUB2*) уступал остальным системам по интенсивности свечения. Наибольшую специфичность, воспроизводимость и дискриминационную способность продемонстрировал белок-кодирующий маркер *TEF1-* α . Таким образом, оптимизация ПЦР подтвердила целесообразность использования *TEF1-*α в качестве основного маркера для точной видовой идентификации фитопатогенных грибов рода *Fusarium* в Узбекистане.

ATRIPLEX MICRANTHA ЎСИМЛИГИНИНГ ҚУРҒОҚЧИЛИК СТРЕССИГА ЖАВОБ БЕРУВЧИ DREB2A ГЕНИ СЕКВЕНСИ ВА AP2/ERF ДОМЕНИ ТАХЛИЛИ

Ризаев Д.М., Зиявитдинов Ж.Ф., Олимжонов Ш.С., Ишимов У.Ж., Халбекова Х.У., Аманова Г.И., Шеримбетов С.Г.

ЎзР ФА академик О.С. Содиқов номидаги Биоорганик кимё институти.
e-mail: doston.rizayev.91@mail.ru

Дунё миқёсида озиқ-овқат хавфсизлигини таъминлашда чекланган сув ресурслари ва шўр сувдан фойдаланиш энг долзарб муаммолардан бири ҳисобланади, айниқса, ривожланаётган мамлакатларда. Абиотик стресс

омиллар қаторига қурғоқчилик, шўрланиш ва юқори ҳарорат киради, уларнинг салбий таъсири иқлим ўзгариши натижасида янада кучаймоқда. Ўсимликлар ушбу ноқулай муҳит омилларига жавоб тариқасида ўсиш, ривожланиш ҳамда яшаб қолиш ва кўпайиш имконини берувчи мураккаб мосланиш механизмларини шакллантирган. Мослашиш реакциялари асосан махсус генларнинг экспрессияси, шунингдек, ферментлар, фенол бирикмалари, флавоноидлар, антоцианлар, осмопротекторлар ва бошқа ҳимоя молекулаларининг синтези билан боғликдир.

WRKY, MYB, GRAS, bHLH, ERF/DREB ва NAC оилаларига мансуб кўплаб транскрипция омиллари ўсимликларнинг ташқи муҳит таъсирига жавоб сифатида намоён бўладиган метаболик ва физиологик жараёнларни бошқарувчи мураккаб регулятор тармоқларни бошқаришда муҳим аҳамиятга эга. Дегидратацияга жавоб берувчи элемент билан боғланувчи (DREB) транскрипция омиллари ўсимликларнинг абиотик стрессларга нисбатан жавоб реакцияларини тартибга солишда муҳим роль ўйнайди. Олиб борилган тадқиқот ишида галофит *Atriplex micrantha* ўсимлигидан DREB2A генинин 495 жуфт асосдан иборат нуклеотид кетма-кетлиги аниқланди ва NCBI маълумотлар баъзаси BLAST бўлими орқали гомологик ўхшашлик текширилганда *Atriplex littoralis, Atriplex glabriuscula* ва *Chenopodium album* ўсимликлари геномидаги нуклеотидлар кетма-кетлигига 96.2, 94.7 ва 88.1% ўхшашликка эга эканлиги аниқланди. Олинган DREB2A гени фрагменти NCBI маълумотлар баъзасидан рўйхатдан ўтказилди (PZ315703). Нуклеотид кетма-кетликни *Expasy translate tool* онлайн иловасидан фойдаланиб аминокислота қаторига ўтказилди. Аминокислота қатори *Chenopodium album* DREB2C оқсили билан Clustal Omega прогммасида ўзаро солиштирилганда 14 – 84 аминокислота қатори AP2/ERF домени тўлиқ мавжудлиги аниқланди. *Alpha Fold server* онлайн дастуридан фойдаланиб оқсил–ДНК комплекс

модели тузилди, натижада комплекс интерфейси учун ишончлилик кўрсаткичи (ipTM) 0,82 ва умумий башорат қилинган TM-балл (pTM) 0,82 ни ташкил этди. Бу натижа оқсил тузилиши ҳамда оқсил–ДНК ўзаро таъсирининг юқори аниқлик билан тахмин қилинганлигини кўрсатади.

РОЛЬ ГЕНОВ CBL10, CIPK8 И PKS5, УЧАСТВУЮЩИХ В ФОРМИРОВАНИИ СОЛЕУСТОЙЧИВОСТИ ХЛОПЧАТНИКА

Тожибоева Д.И., Салахудинов И.Б., Ражапов Ф.С.
Центр геномики и биоинформатики АН РУз.
e-mail: dinailxamovna96@mail.ru

Засоление почв является одним из наиболее значимых абиотических факторов, ограничивающих продуктивность хлопчатника (*Gossypium hirsutum* L.). Одним из ключевых механизмов адаптации растений к солевому стрессу является поддержание ионного гомеостаза, обеспечиваемое кальций-зависимой сигнальной системой CBL–CIPK. В связи с этим целью настоящей работы являлся комплексный анализ генов CBL10 (SCaBP8), CIPK8 (CIPK1) и PKS5 (CIPK11), вовлеченных в формирование солеустойчивости хлопчатника, и разработка молекулярно-генетических инструментов для их дальнейшего изучения.

Комплексный анализ включал идентификацию гомологов исследуемых генов на основе сравнительного анализа геномных последовательностей различных видов хлопчатника, определение их хромосомной локализации, анализ структурной организации и кодирующих последовательностей, а также разработку специфических праймеров и зондов для последующих экспрессионных исследований. Для каждого из исследуемых генов определены хромосомная локализация, структура и кодирующие последовательности, что позволило использовать полученные данные при разработке высокоспецифичных молекулярных инструментов.

Проведенный анализ показал, что CBL10 функционирует как кальций-зависимый сенсор, обеспечивающий восприятие стрессового сигнала, CIPK8 участвует в передаче сигнала и регуляции активности транспортных белков, поддерживающих баланс Na^+/K^+, тогда как PKS5 контролирует интенсивность стрессового ответа, обеспечивая координацию процессов роста и адаптации растения. Совместное функционирование этих генов обеспечивает передачу кальций-зависимого сигнала, регуляцию транспорта ионов Na^+ и K^+ и поддержание клеточного ионного гомеостаза, являющегося одним из ключевых механизмов формирования солеустойчивости хлопчатника.

Разработаны специфические праймеры и зонды, предназначенные для амплификации, секвенирования и количественной оценки уровня экспрессии исследуемых генов. Созданный набор молекулярных инструментов может использоваться для сравнительного анализа экспрессии генов CBL10, CIPK8 и PKS5 у сортов хлопчатника, различающихся по степени солеустойчивости, а также при изучении динамики молекулярного ответа растений на воздействие различных концентраций NaCl.

Анализ экспрессии генов CBL10, CIPK8 и PKS5 при различных уровнях солевого стресса позволит выявлять наиболее устойчивые генотипы хлопчатника и оценивать особенности их молекулярного ответа на воздействие засоления, что создаст предпосылки для более точного прогнозирования адаптационного потенциала растений в условиях засоленных почв. В перспективе данные гены могут рассматриваться как перспективные кандидаты для использования в программах маркер-ассоциированной селекции (MAS), а также геномного редактирования и других современных биотехнологических подходов, направленных на создание новых высокопродуктивных и солеустойчивых сортов хлопчатника.

SOS-ГЕНЫ И МОЛЕКУЛЯРНЫЕ МЕХАНИЗМЫ СОЛЕУСТОЙЧИВОСТИ ХЛОПЧАТНИКА (*GOSSYPIUM SPP.*)

Тожибоева Д.И., Салахудинов И.Б., Ражапов Ф.С.

Центр геномики и биоинформатики АН РУз.
e-mail: dinailxamovna.96@bk.ru

Засоление почв является одной из наиболее серьёзных экологических проблем в Узбекистане, поскольку значительная часть орошаемых земель подвержена вторичному засолению. Особенно остро это проявляется в районах выращивания хлопчатника, где высокая концентрация солей вызывает физиологические и биохимические нарушения у растений. В связи с этим разработка солеустойчивых сортов является приоритетной задачей. Традиционные методы селекции ограниченно эффективны из-за полигенной природы признака и низкой наследственной изменчивости, что обусловливает возрастающую роль молекулярно-генетических и биотехнологических подходов.

На молекулярном уровне устойчивость хлопчатника (*Gossypium spp.*) к солевому стрессу регулируется сетью генов, контролирующих ионный транспорт, синтез осмопротекторов и антиоксидантную систему. Ключевым механизмом является поддержание ионного гомеостаза, в котором важную роль играют гены семейства Salt overly sensitive (SOS). Система SOS включает три компонента: Na^+/H^+-антипортер *SOS1*, протеинкиназу *SOS2* и кальциевый сенсор *SOS3*. При солевом стрессе повышение концентрации Na^+ сопровождается ростом уровня Ca^{2+}, воспринимаемого *SOS3*, который в комплексе с *SOS2* активирует *SOS1*, обеспечивая выведение Na^+ из клеток. Комплекс *SOS2–SOS3* функционирует преимущественно в корнях.

В ходе исследования проанализированы 28 сорта и линии хлопчатника, из которых отобраны 12 генотипов с различной солеустойчивостью. Оценка

экспрессии SOS-генов показала, что уровень *SOS1* существенно не различается между устойчивыми и неустойчивыми формами, что свидетельствует о его вспомогательной роли. В то же время *SOS2* определён как ключевой ген: у устойчивых генотипов его экспрессия возрастает при стрессе, тогда как у неустойчивых - снижается. Сорт Ravnaq-1 выделен как перспективный донор гена *SOS2*.

Анализ экспрессии *SOS3* выявил неоднозначную динамику: её повышение наблюдалось только у сортов Baraka и Surxon, тогда как у устойчивых Buxoro-6, TM-1 и ряда среднеустойчивых форм отмечено снижение экспрессии при сохранении устойчивости. Это указывает на реализацию альтернативных механизмов выведения Na^+, вероятно в надземных органах, с участием сенсорного белка *SCaBP8* (*CBL10*). В этой связи рассмотрены альтернативные регуляторы SOS-пути - *CBL10*, *CIPK1* (*CIPK8*) и негативный регулятор *SOS2* - *CIPK11* (*PKS5*).

Биоинформационный анализ генома *G. hirsutum* позволил определить хромосомную локализацию генов: *CBL10* - в A05/D05 и A06/D06, *CIPK11* - в A03/D03. Для генов-кандидатов разработаны специфические праймеры и зонды. Первичный тестовый анализ уровня экспрессии разработанных праймеров и зондов на сорте TM-1 при солевом стрессе (100 мМ NaCl) подтвердило функциональность и выявило индукцию экспрессии: *CIPK11* - в 5 раз, *CBL10* - в 1,9 раза и *CIPK1* - в 1,7 раза по сравнению с контролем.

Таким образом, полученные результаты углубляют понимание молекулярных механизмов солеустойчивости хлопчатника и позволяют выделить перспективные генотипы и гены-кандидаты и открывают новые возможности для селекции солеустойчивых сортов хлопчатника, что имеет научно-практическое значение в условиях изменения климата и связанного с этим расширения ареала засоленных почв.

TRANSCRIPTIONAL EXPRESSION OF INFLAMMATION-RELATED GENES IN PATIENTS WITH SHARPIN AND HOIP DEFICIENCIES

Aripova T.U., Ziyadullaev Sh.Kh., Ismailova A.A., Raximjonov A.A., Talipova A.A., Kasimova M.S., Karimova D.S., Akbarov U.S., Sher L.V., Rozumbetov R.J.

Institute of immunology and human genomics.
e-mail: linebright22@gmail.com

The linear ubiquitin chain assembly complex (LUBAC), comprising HOIP, HOIL-1L and SHARPIN is essential for cytokine signalling and immune homeostasis. Mutations in LUBAC components produce diverse autoinflammatory and immunodeficiency phenotypes. Our objective was to compare inflammation-related gene expression in patients with SHARPIN and HOIP deficiencies using publicly available whole-blood RNA-seq data. Whole blood RNA-seq FASTQ files (BioProjects PRJNA487219, PRJNA1084850) were quantified with Salmon and summarized to gene counts. Gene-level normalization and differential expression were performed using PyDESeq2 with Wald testing and Benjamini–Hochberg correction (padj ≤ 0.05). Gene set enrichment analysis (GSEApy) was run against MSigDB Hallmark sets (FDR $q < 0.05$ considered significant). Comparisons included SHARPIN-deficient patient (duplicated reads) and HOIP-deficient patient (duplicated reads) against healthy controls. The SHARPIN-deficient transcriptome showed a marked proinflammatory and anti-apoptotic signature with strong upregulation of chemokines, elevated IL1B, TNF, IL23A, and anti-apoptotic BCL2A1, alongside repression of neutrophil effectors and chemokine receptor CXCR2. GSEA indicated enrichment of NF-κB–linked pathways. In contrast, the HOIP-deficient profile exhibited broad suppression of innate/chemokine mediators, downregulated cytokine receptors, reduced early activation markers and suppressed PTGS2. GSEA showed positive enrichment for interferon-α response, oxidative

phosphorylation and MYC targets, and as expected, downregulation of NF-κB downstreams. Comprehensive proteomic validation is now required to further characterize these divergent transcriptional programs and deepen our insight into the biological nature of these clinical phenotypes.

ADVANCED GENOMIC STRATEGIES AND MOLECULAR MECHANISMS FOR ACCELERATING EARLY MATURITY BREEDING IN MUNGBEAN (*Vigna radiata* (L.) WILCZEK)

Dulanazarov A.A., Turaev O.S., Ziyaev Z.M.

Research Institute of Plant Genetic Resources, National Center for Knowledge and Innovation in Agriculture.
e-mail: dulanazarovabror@gmail.com

Mungbean (*Vigna radiata* (L.) Wilczek) is a strategically vital legume, valued globally for its high protein content, ability to fix atmospheric nitrogen, and a relatively short growth cycle. The development of early-maturing cultivars is a critical breeding objective, as it enables the crop to be used as a relay or catch crop in intensive agricultural systems, facilitating multiple harvests per year and allowing it to avoid terminal drought and heat stress. Although mungbean has historically been improved through classical phenotypic selection, the emergence of advanced genomic tools, including high-resolution QTL mapping, Genome-Wide Association Studies (GWAS), and CRISPR/Cas-mediated genome editing, now provides a robust framework to accelerate the development of high-yielding, synchronously maturing genotypes.

The phenological development of mungbeans, particularly the flowering and maturity times, is a complex quantitative trait governed by the interplay between photoperiod and temperature sensitivity. Genetic studies have consistently localized key quantitative trait loci (QTLs) for early maturity on linkage groups 2, 4, 6, 7,

and 11, with loci on linkage groups 2 and 4 serving as major, stable regulators across diverse populations. High-resolution mapping and comparative genomics have identified key candidate genes, such as *VrPHYA* and *VrPHYE* (phytochromes), which modulate photoperiodic pathways, and *VrDet1*, a functional ortholog of *TERMINAL FLOWERING1* (*TFL1*), which regulates determinate growth in plants. The identification of these genes, along with other regulators such as *FPA* and the *FERONIA* receptor-like kinase family, provides precise molecular targets for breeders to shift the entire phenological cycle toward earlier maturity.

Accelerating the translation of these genomic insights into field-ready varieties requires a multifaceted approach centered on genomics-assisted breeding. Marker-Assisted Selection (MAS) and Marker-Assisted Backcrossing (MABC) are foundational strategies for introgressing major-effect early maturity alleles from donor germplasm into elite, locally adapted cultivars with high precision and speed. Furthermore, Genomic Selection (GS) offers the potential to predict genomic estimated breeding values (GEBVs) for complex polygenic traits by capturing the cumulative effects of many small-effect alleles, thereby allowing selection decisions to be made significantly earlier in the breeding pipeline.

In addition to traditional genomics-assisted approaches, CRISPR/Cas9-based genome editing offers a transformative pathway for direct validation and modification of candidate genes. By inducing targeted allelic changes, genome editing can compress several generations of conventional crossing into a single generation. Although the current lack of efficient genotype-independent transformation and regeneration protocols remains the primary bottleneck for mungbean, ongoing research into *in planta* delivery methods and the adoption of protocols successfully utilized in other legumes suggest a clear trajectory for overcoming these technical limitations. For agricultural regions such as Uzbekistan, the integration of these international genomic resources, including the WorldVeg

germplasm collections and established SNP databases, with targeted breeding programs for early maturity is essential for optimizing crop rotation efficiency and ensuring food security in the face of an increasingly arid climate.

NON-CODING RNAs OF THE LOCAL *RAHNELLA* Uzb4 STRAIN.

[1]Kayumova R.A., [1]Dadakhonova M.B., [1]Yakubov I.T.,[2] Shakirov Z.S., [3]Urlacher V.B.

[1]National University of Uzbekistan named after Mirzo Ulugbek;
[2]Institute of Microbiology of the Academy of Sciences of the Republic of Uzbekistan;
[3]Institute of Biochemistry II, Heinrich Heine University Düsseldorf, Germany.
e-mail: kayumovarp.rushanas@mail.com

Bacterial genomes contain numerous types of non-coding RNAs (ncRNAs), which perform a wide range of functions, from important roles in protein production by classic tRNA and rRNA to regulation of gene expression by small RNAs and riboswitches. Many other classes of ncRNAs are known to be widespread and perform other important functions. For example, some bacterial RNAs fold to form ribozymes RNase P that catalyze the processing of RNA by hydrolyzing phosphoesters, as well as a variety of self-cleaving ribozymes that carry out internal phosphoester transfer reactions.

Bacterial small non-coding RNAs are typically 50 to 250 nucleotides long. They act as critical post-transcriptional regulators of gene expression. By binding to target mRNAs or proteins, sRNAs allow bacteria to rapidly adapt to environmental stresses, modulate virulence, and regulate metabolic processes without the energy cost of synthesizing new proteins.

While long non-coding RNAs (lncRNAs) are defining features of eukaryotic cells, bacteria do produce large regulatory non-coding transcripts (>200

nucleotides). These molecules play fundamental roles in gene regulation, environmental stress responses, and host-pathogen interactions.

The aim of this study was to search for and identify non-coding RNA genes from the genome of rhizobacteria of the genus *Rahnella*. The following bioinformatics programs were used: Bakta Web (Software: 1.12.0, Database: 6.0), Clustal O from UniProt, and BLAST-nucleotide. The keywords used for the search were rRNA, tRNA, ncRNA, and ncRNA-region.

Rahnella genome contains 7 copies of 16S rRNA, 7 copies of 23S rRNA and 8 copies of 5S rRNA genes, which are located in specific clusters on the chromosome. The genome contains 1 gene copy for tmRNA – transfer-messenger RNA 369 bp long. In *Rahnella*, tmRNA plays a crucial role in bacterial protein quality control. It facilitates trans-translation, a vital cellular pathway used to rescue ribosomes stalled on defective or incomplete messenger RNAs. We also found 81 genes for 20 tRNAs in the *Rahnella* genome. The sizes of tRNA genes vary from 74 to 87 bp, and the number of copies of each tRNA gene also varies. For example, cysteine, histidine, and tryptophan tRNAs each have only one copy, while leucine tRNA has eight copies of tRNA genes.

There are 54 different non-coding RNAs and 45 non-coding RNA regions in the *Rahnella* genome. For each non-coding RNA genes, physical and genetic maps, nucleotide sizes, and putative functions for each ncRNA by using BLAST nucleotide software were determined. For example, the StyR-44 gene was identified, which was first identified in Salmonella enterica serovar Typhi. It is characterized as a structured, simple RNA. Seven copies of this gene exist in the genome and are located in seven ribosomal RNA clusters. Further studies specifically focused on the StyR-44 regulatory network are needed to determine the precise role of StyR-44 in *Rahnella* function.

Other ncRNAs in the *Rahnella* genome include: 6S RNA - A large ncRNA that binds to the RNA polymerase holoenzyme (sigma 70), regulating gene expression during the stationary phase. Riboswitches - cis-acting elements located in the 5′-UTR of mRNAs that alter their structure upon binding small molecules to regulate the transcription or translation of the downstream gene. Toxin-Antitoxin (TA) systems - Small antisense RNAs often act as antitoxins to neutralize toxins.

Among the non-coding RNA regions, the most interesting genes are TrxA 5' UTR thermometer, cspA thermoregulator, Cobalamin riboswitch, FMN riboswitch (RFN element), TPP riboswitch (THI element), Xanthine riboswitch (NMT1 RNA), Lysine riboswitch, RtT RNA and others.

Further study of non-coding RNAs in the genus *Rahnella* will provide insights into how these non-protein-coding transcripts mediate responses to environmental stressors and virulence.

MOLECULAR IDENTIFICATION BASED ON THE 16S rRNA GENE AND BIOTECHNOLOGICAL POTENTIAL OF BACTERIA ISOLATED FROM THE SHARGUN COAL MINE

Khudoyberdieva S.A., Akhmedova Z.R., Kadirova G.Kh.

Institute of Microbiology, Academy of Sciences of the Republic of Uzbekistan.
e-mail: microbio@academy.uz

Microorganisms adapted to extreme environments, such as coal mines, possess unique metabolic capabilities and genetic diversity, making them highly valuable resources for sustainable biotechnologies and industrial waste processing. The Shargun coal mine (Surkhandarya, Uzbekistan) is a unique but largely unexplored ecosystem for studying indigenous bacterial communities. Reliable identification using 16S rRNA gene sequencing is crucial to establish a taxonomic foundation for future genomic research. This study aims to isolate and identify

bacterial strains from the Shargun coal mine using microbiological methods and 16S rRNA sequencing, and to evaluate their biotechnological potential.

Soil and coal-associated samples collected from the Shargun coal mine were used as the study material. Bacterial isolates were obtained through serial dilution and cultivation on selective culture media to establish pure cultures.

Their growth characteristics were subsequently evaluated in a mineral medium containing coal as the primary carbon source. Two representative isolates, designated SH16 and SH29, were selected for molecular characterization based on their performance. Partial 16S rRNA gene sequences were determined by Sanger sequencing, and the resulting nucleotide sequences were deposited in the National Center for Biotechnology Information (NCBI) GenBank database.

Molecular analysis demonstrated that the partial 16S rRNA gene sequence (1,485 bp) of strain SH16 showed high similarity to *Bacillus cabrialesii* and was assigned the GenBank accession number PZ299317.1. Likewise, the 1,485 bp partial sequence obtained from strain SH29 was identified as *Bacillus subtilis* and deposited under accession number PZ299319.1.

These findings confirmed the taxonomic affiliation of both isolates at the molecular level with a high degree of confidence. Deposition of these nucleotide sequences in the GenBank database provides an openly accessible international reference resource and establishes a valuable basis for future phylogenetic and comparative genomic studies. Molecular identification based on the 16S rRNA gene considerably improves the accuracy of bacterial identification compared with conventional phenotype-based approaches, enabling reliable discrimination between closely related taxa.

The active growth of *Bacillus cabrialesii* SH16 and *Bacillus subtilis* SH29 in a coal-containing mineral medium indicates their adaptation to complex organic substrates. Members of the genus *Bacillus* are well-known for producing a wide

range of hydrolytic and oxidoreductive enzymes involved in the biotransformation of complex organic compounds. Therefore, the identified isolates represent promising microbial resources for future investigations on:

- Coal bioconversion and biodegradation
- Environmental bioremediation
- Biotechnological production of humic substances

Molecular identification based on 16S rRNA gene sequencing accurately confirmed the taxonomic identity of the indigenous isolates *Bacillus cabrialesii* SH16 and *Bacillus subtilis* SH29 recovered from the Shargun coal mine. The deposition of their nucleotide sequences in the GenBank database establishes a reliable molecular reference for future studies.

These findings demonstrate the high potential of the identified strains for environmental biotechnology and provide a solid scientific basis for subsequent whole-genome sequencing, functional genomic analyses, and investigations into their roles in coal bioconversion and bioremediation processes

INTEGRATION OF MORPHOLOGICAL AND TRANSCRIPTIONAL TRAITS IN THE ASSESSMENT OF COTTON ADAPTATION TO SALINITY

Mirzabaev D.A., Kamburova V.S., Salakhutdinov I.B., Rajabov F.S., Shermatov Sh.E., Tojiboeva D.I., Nazarova E.F., Bazarov D.K.

Center of Genomics and Bioinformatics of the Academy of Sciences of the Republic of Uzbekistan.
e-mail: venera.k75@gmail.com

Separate assessment of morphology or gene expression does not always identify which molecular changes are functionally associated with growth maintenance. The aim was to determine relationships between seedling

morphology and stress-associated gene expression under salt stress and biostimulator treatment.

Root and shoot length were correlated with expression of 13 genes. Integrated correlation strength, functional-module means, clustering, PCA and gene network centrality were evaluated with consideration of genotype, salinity and treatment.

The strongest relationships with root length were observed for Gh_GH3.17 (r = 0.79), Gh_NCED5 (r = 0.77), Gh_OPR3 (r = 0.70), Gh_CAT1 (r = 0.69) and Gh_GPX (r = 0.63). Associations with shoot length had a similar direction but were generally weaker. The hormonal module showed the largest mean relationships with root and shoot length (0.74 and 0.67), followed by the antioxidant module (0.64 and 0.54). Osmoprotective and carbohydrate-related genes showed more moderate associations. Network analysis confirmed the central positions of Gh_GH3.17, Gh_NCED5, Gh_OPR3 and Gh_CAT1.

The root system was a more sensitive integrative indicator of transcriptional restructuring than the shoot. The prominence of hormonal and antioxidant modules suggests that growth preservation under salinity depends primarily on coordinated signaling and redox homeostasis, while osmoprotection and carbohydrate metabolism provide supporting metabolic capacity.

Integration of morphological and transcriptional data identifies genes that are genuinely associated with the adaptive phenotype. Gh_GH3.17, Gh_NCED5, Gh_OPR3 and Gh_CAT1 are promising network nodes for functional validation of cotton salt-tolerance mechanisms.

MORPHOLOGICAL ARCHITECTURE OF THE EARLY COTTON RESPONSE TO SALT STRESS

Nazarova E.F., Kamburova V.S., Salakhutdinov I.B., Mirzabaev D.A., Rajabov F.S., Shermatov Sh.E., Tojiboeva D.I., Bazarov D.K.

Center of Genomics and Bioinformatics of the Academy of Sciences of the Republic of Uzbekistan.
e-mail: venera.k75@gmail.com

Soil salinity affects cotton growth from the earliest stages of ontogeny, but individual morphological traits do not respond with equal sensitivity. The aim of this study was to characterize the early seedling phenotype of cotton under different NaCl levels and identify informative indicators of the initial salt response.

Five cotton genotypes – 'I shonch', 'AN-Bayaut-2', 'Namangan-77', 'Ravnaq-1' and 'Porloq-1' – were tested at 0, 50 and 150 mM NaCl. Germination time, germination energy, root length and shoot length were measured. Genotype, salinity and their interaction were evaluated by two-way analysis of variance, followed by Tukey HSD comparisons. Relative changes, correlations and principal component analysis (PCA) were also used.

Increasing salinity delayed germination and reduced germination energy, root length and shoot length. Across genotypes, mean shoot length decreased from 16.82 cm in the control to 12.40 cm at 50 mM and 9.11 cm at 150 mM NaCl. Root length declined from 8.47 to 7.44 and 6.04 cm, while germination energy decreased from 82.68 to 72.80 and 59.04%, respectively. Mean germination time increased from 6.08 to 6.59 and 8.34 days. Germination energy and shoot length responded significantly already at 50 mM NaCl. PCA showed a dominant axis of phenotypic variation, with germination time and shoot length among the principal contributors.

The results indicate that salt stress changes a coordinated developmental system rather than a single trait. Shoot length and germination energy were the

most sensitive indicators of early injury, whereas the root system retained a partial buffering capacity under moderate stress. Stronger trait associations at higher salinity suggest increasing integration of the morphological response.

The early cotton response to salinity is dose-dependent and systemic. Primary screening should combine germination energy, shoot length, root length and germination time, with particular diagnostic value assigned to germination energy and shoot length.

GENOTYPE-SPECIFIC TRANSCRIPTIONAL ORGANIZATION OF THE COTTON RESPONSE TO SALINITY

Rajabov F.S., Kamburova V.S., Salakhutdinov I.B., Mirzabaev D.A., Shermatov Sh.E., Tojiboeva D.I., Nazarova E.F., Bazarov D.K.

Center of Genomics and Bioinformatics of the Academy of Sciences of the Republic of Uzbekistan.
e-mail: venera.k75@gmail.com

Salt tolerance depends on coordinated hormonal, antioxidant, osmoprotective and metabolic processes. Differences among genotypes may therefore be determined not only by the expression level of individual genes, but also by the organization of the overall transcriptional response. The aim was to characterize genotype-specific restructuring of stress-associated gene expression in cotton.

Ishonch, Ravnaq-1 and Porloq-1 were examined under contrasting NaCl conditions. Quantitative RT-PCR was used to assess 13 genes related to hormonal regulation (Gh_NCED5, Gh_GH3.17, Gh_OPR3 and Gh_ICS1), antioxidant defense (Gh_SOD, Gh_APX, Gh_CAT1, Gh_POD1, Gh_GPX and Gh_GR), and osmoprotection and carbohydrate metabolism (Gh_P5CS, Gh_SPS and Gh_SuSy). Genotype, salinity and their interaction were evaluated statistically.

Salt stress produced strongly contrasting transcriptional profiles. Ishonch showed predominantly suppressed expression across hormonal, antioxidant and

osmoprotective components. Ravnaq-1, and particularly Porloq-1, retained higher transcriptional activity and demonstrated more coordinated induction of stress-response genes. Gh_ICS1, Gh_P5CS, Gh_SOD and Gh_POD1 were among the most contrasting markers. Significant effects of genotype, NaCl concentration and their interaction were evident across the functional blocks.

Tolerance was not associated with a universal increase in all stress-related transcripts. Instead, it was linked to the preservation of coordinated activity across several modules. In the sensitive genotype, stress was accompanied by transcriptional destabilization, whereas the more tolerant genotypes maintained signaling activation, antioxidant protection and osmoprotective-metabolic adjustment.

The cotton transcriptional response to salinity is strongly genotype-specific. Gh_ICS1, Gh_P5CS, Gh_SOD and Gh_POD1 are promising candidates for functional validation and the development of molecular selection criteria.

GENOTYPE- AND CONTEXT-DEPENDENT EFFECTS OF BIOSTIMULATORS ON THE COTTON GENE–TRAIT SYSTEM

Salakhutdinov I.B., Kamburova V.S., Mirzabaev D.A., Rajabov F.S., Shermatov Sh.E., Tojiboeva D.I., Nazarova E.F., Bazarov D.K.

Center of Genomics and Bioinformatics of the Academy of Sciences of the Republic of Uzbekistan.
e-mail: venera.k75@gmail.com

Biostimulator efficacy cannot be judged solely by mean changes in growth or by the expression of individual genes. It is important to determine how treatment changes the architecture of molecular–morphological relationships in different

genotypes and under different stress intensities. This study characterized the contextual organization of the cotton gene–trait response.

Root length, shoot length and gene expression were compared in Ishonch and Porloq-1 under control and saline conditions after biopreparation treatment. Correlation, clustering, PCA, radar profiles and network visualization were combined with assessment of the genotype × salinity × preparation interaction.

The main factors and their interactions significantly affected the expression of the analyzed genes. Biostimulators changed not only individual transcript levels, but also the relative strength of relationships between genes and morphological traits. Ishonch showed a more coherent and predominantly positive gene–trait profile in selected treated variants, whereas Porloq-1 displayed a more contrastive profile that depended on salinity and preparation. In PCA space, variants were separated according to genotype, NaCl concentration and treatment.

Direct salt tolerance and responsiveness to biostimulation represent different biological contexts. Porloq-1 had the best initial morphological profile in direct genotype comparisons, while Ishonch showed a more coherent gene–trait structure in some treated variants. Thus, baseline tolerance and stimulation responsiveness are related but non-identical genotype properties.

Biostimulators are not universal enhancers of growth or transcription. They restructure the gene–trait system according to genotype and stress context; evaluation should therefore include interaction analysis rather than comparison of isolated means.

BIOSTIMULATOR-INDUCED RESTRUCTURING OF COTTON GENE EXPRESSION UNDER SALINITY

Shermatov Sh.E., Kamburova V.S., Salakhutdinov I.B., Mirzabaev D.A., Rajabov F.S., Tojiboeva D.I., Nazarova E.F., Bazarov D.K.

Center of Genomics and Bioinformatics of the Academy of Sciences of the Republic of Uzbekistan.
e-mail: venera.k75@gmail.com

Morphological improvement after biopreparation treatment does not by itself reveal the mechanisms underlying enhanced tolerance. This study examined how biostimulators affect genes involved in hormonal regulation, antioxidant defense, osmoprotection and carbohydrate metabolism in cotton under salt stress.

Ishonch and Porloq-1 were analyzed at 0 and 150 mM NaCl in untreated and treated variants. Quantitative RT-PCR was used to assess 13 stress-associated genes. The effects of genotype, salinity, preparation and their interactions were evaluated by multifactor analysis of variance, with multiple comparisons used to resolve differences among variants.

Biostimulators changed transcript abundance in all functional blocks, but the direction and amplitude of the response depended on genotype and salinity. Under 0 mM NaCl, preparations activated hormonal, antioxidant and metabolic components to different degrees. Under 150 mM NaCl, the overall response was retained, while the amplitude and composition of the most pronounced changes depended on the preparation-genotype combination. The most notable shifts were associated with Rizokom-1 and Gh_OPR3, Gh_ICS1, Gh_GPX, Gh_P5CS, Gh_SPS and Gh_SuSy.

The data do not support a model of nonspecific transcriptional enhancement. Biostimulators acted as contextual regulators that changed the coordination of functional modules according to the initial state of the plant. Their effects should

therefore be interpreted relative to the stress control: an increase in one transcript is not sufficient evidence of adaptation unless it is accompanied by improved morphology and coherent system-level behavior.

Biostimulators induce genotype- and stress-dependent transcriptional restructuring in cotton. Rizokom-1 is a promising preparation for further molecular study, but its action must be evaluated in relation to genotype and functional state.

MOLECULAR RECONSTRUCTION OF CEREAL GENOMIC ARCHITECTURE TO ENHANCE CLIMATE RESILIENCE AND PRODUCTIVITY

[1]Turaev O.S., [1]Alijonova M.T., [1]Makhmudova M.U., [1]Kimsanova N.B., [1]Norov T.M., [2]Nazirov M.L.M., [2]Kurbonov A.Y., [1]Ziyaev Z.M., [3]Kushanov F.N.

[1]Research Institute of Plant Genetic Resources, National Center for Knowledge and Innovation in Agriculture;
[2]Cotton Breeding, Seed Production and Agrotechnologies Research Institute, National Center for Knowledge and Innovation in Agriculture;
[3]Institue of Genetics and Plant Experimental Biology, Academy of Sciences of the Republic of Uzbekistan.
e-mail: ozodturaev@gmail.com

The global agricultural bioeconomy is increasingly dependent on oilseed crops, including soybeans, rapeseed, cotton, and camelina, which serve as essential sources of edible fats, protein-rich animal feed, and renewable industrial feedstocks. As climate change intensifies, characterized by extreme temperature fluctuations, drought, and secondary soil salinity, particularly in arid regions such as Central Asia, traditional breeding methods have proven too slow to keep pace with the urgent demand for resilient and high-yielding cultivars. CRISPR/Cas-mediated genome editing has emerged as a revolutionary paradigm shift, enabling the surgical precision required to bypass these bottlenecks by shifting the focus from random, stochastic mutagenesis to the intentional molecular design of plant

genomes. Unlike conventional breeding, which is often hindered by “linkage drag” and limited genetic diversity, CRISPR technology enables the surgical “rewiring” of complex lipid biosynthetic pathways and the systematic elimination of detrimental antinutritional secondary metabolites from seeds, offering a pathway toward "designer oils" and enhanced industrial feedstocks.

The core of oilseed improvement via genome editing lies in the precise modulation of fatty acid stoichiometry, which is governed by sequential enzymatic activities. The primary targets for metabolic redirection are the endoplasmic reticulum-localized Δ12-desaturase (*FAD2*) and ω-3 desaturase (*FAD3*) pathways. By employing multiplexed CRISPR/Cas systems to knock out these genes, researchers have achieved significant success in orchestrating a robust accumulation of monounsaturated oleic acid (exceeding 80% in soybeans) while concomitantly reducing the polyunsaturated fatty acid content. This metabolic redirection provides superior oxidative and thermal stability for high-temperature cooking and industrial applications, effectively eliminating the need for industrial partial hydrogenation, which is closely associated with the formation of harmful trans-fatty acids. Furthermore, precision editing targets the systematic reduction of anti-nutritional compounds, such as glucosinolates and phytic acid, a potent mineral chelator, in oilseed meal, thereby significantly enhancing the economic and nutritional value of livestock feed byproducts.

Beyond improving established crops, the technological precision of CRISPR/Cas is accelerating the *de novo* domestication of wild or orphan oilseed species, such as *Camelina sativa* and *Thlaspi arvense* (field pennycress). By modulating specific domestication-related loci and targeting the *FAE1* gene to reduce very long-chain fatty acids, researchers have rapidly converted these resilient wild winter annuals into optimized high-oleic industrial platforms. These "stacked" genotypes are explicitly designed to produce sustainable aviation fuel

(SAF) and renewable oleochemicals, providing a sustainable solution that avoids competition with primary food supplies. Although technical challenges, such as transformation recalcitrance, have historically impeded the application of these tools in diverse germplasms, the development of DNA-free Ribonucleoprotein (RNP) delivery and nanotechnology-mediated *in planta* editing offers a transformative path forward. By bypassing labor-intensive tissue culture and regeneration cycles, these emerging delivery systems facilitate the direct modification of elite field-grown varieties. Ultimately, the integration of CRISPR-mediated metabolic engineering with predictive AI-driven design and speed breeding represents a potent pipeline for creating the next generation of climate-resilient oilseed “biofactories”, ensuring global sustainability in the face of escalating environmental and demographic challenges.

PRECISION METABOLIC ENGINEERING AND *DE NOVO* DOMESTICATION: THE CRISPR/CAS PARADIGM FOR SUSTAINABLE OILSEED IMPROVEMENT

[1]Turaev O.S., [1]Ilyosiddinova K.A., [1]Teshaeva F.I., [1]Eshonkulova D.Sh., [1]Norov T.M., [2]Kurbonov A.Y., [1]Ziyaev Z.M., [3]Kushanov F.N.

[1]Research Institute of Plant Genetic Resources, National Center for Knowledge and Innovation in Agriculture;
[2]Cotton Breeding, Seed Production and Agrotechnologies Research Institute, National Center for Knowledge and Innovation in Agriculture;
[3]Institue of Genetics and Plant Experimental Biology, Academy of Sciences of the Republic of Uzbekistan.
e-mail: ozodturaev@gmail.com

The global agricultural bioeconomy is increasingly dependent on oilseed crops, including soybeans, rapeseed, cotton, and camelina, which serve as essential sources of edible fats, protein-rich animal feed, and renewable industrial feedstocks. As climate change intensifies, characterized by extreme temperature fluctuations, drought, and secondary soil salinity, particularly in arid regions such

as Central Asia, traditional breeding methods have proven too slow to keep pace with the urgent demand for resilient and high-yielding cultivars. CRISPR/Cas-mediated genome editing has emerged as a revolutionary paradigm shift, enabling the surgical precision required to bypass these bottlenecks by shifting the focus from random, stochastic mutagenesis to the intentional molecular design of plant genomes. Unlike conventional breeding, which is often hindered by “linkage drag” and limited genetic diversity, CRISPR technology enables the surgical “rewiring” of complex lipid biosynthetic pathways and the systematic elimination of detrimental antinutritional secondary metabolites from seeds, offering a pathway toward "designer oils" and enhanced industrial feedstocks.

The core of oilseed improvement via genome editing lies in the precise modulation of fatty acid stoichiometry, which is governed by sequential enzymatic activities. The primary targets for metabolic redirection are the endoplasmic reticulum-localized Δ12-desaturase (*FAD2*) and ω-3 desaturase (*FAD3*) pathways. By employing multiplexed CRISPR/Cas systems to knock out these genes, researchers have achieved significant success in orchestrating a robust accumulation of monounsaturated oleic acid (exceeding 80% in soybeans) while concomitantly reducing the polyunsaturated fatty acid content. This metabolic redirection provides superior oxidative and thermal stability for high-temperature cooking and industrial applications, effectively eliminating the need for industrial partial hydrogenation, which is closely associated with the formation of harmful trans-fatty acids. Furthermore, precision editing targets the systematic reduction of anti-nutritional compounds, such as glucosinolates and phytic acid, a potent mineral chelator, in oilseed meal, thereby significantly enhancing the economic and nutritional value of livestock feed byproducts.

Beyond improving established crops, the technological precision of CRISPR/Cas is accelerating the *de novo* domestication of wild or orphan oilseed species, such as *Camelina sativa* and *Thlaspi arvense* (field pennycress). By modulating specific domestication-related loci and targeting the *FAE1* gene to reduce very long-chain fatty acids, researchers have rapidly converted these resilient wild winter annuals into optimized high-oleic industrial platforms. These "stacked" genotypes are explicitly designed to produce sustainable aviation fuel (SAF) and renewable oleochemicals, providing a sustainable solution that avoids competition with primary food supplies. Although technical challenges, such as transformation recalcitrance, have historically impeded the application of these tools in diverse germplasms, the development of DNA-free Ribonucleoprotein (RNP) delivery and nanotechnology-mediated *in planta* editing offers a transformative path forward. By bypassing labor-intensive tissue culture and regeneration cycles, these emerging delivery systems facilitate the direct modification of elite field-grown varieties. Ultimately, the integration of CRISPR-mediated metabolic engineering with predictive AI-driven design and speed breeding represents a potent pipeline for creating the next generation of climate-resilient oilseed “biofactories”, ensuring global sustainability in the face of escalating environmental and demographic challenges.

2. GENETIKA VA MOLEKULYAR BIOLOGIYA

AJUGA TURKESTANICA (REGEL) BRIQ. NING *IN VITRO* REGENERANTLARIDA SSR MARKERLARI ASOSIDA GENETIK BARQARORLIKNI BAHOLASH

Abduazimova D.Sh., Gayibova S.N., Nasyrova G.B., Urazova M.N.

O‘zbekiston Respublikasi Fanlar akademiyasi A.S. Sodiqov nomidagi
Bioorganik kimyo instituti.
e-mail: dildora.sharifjonovna@gmail.com

Ajuga turkestanica (Regel) Briq. O‘zbekiston florasining endem dorivor o‘simliklaridan biri bo‘lib, biologik faol birikmalarning istiqbolli manbasi hisoblanadi. Mazkur turni tabiiy populyatsiyalarga zarar yetkazmagan holda ko‘paytirish va genetik resurslarini saqlashda *in vitro* mikroko‘paytirish usullari muhim ahamiyat kasb etadi. Biroq to‘qima kulturasi jarayonida somaklonal o‘zgarishlar yuzaga kelishi mumkinligi sababli regenerantlarning donor o‘simlik bilan genetik mosligini molekulyar markerlar yordamida baholash zarur hisoblanadi. Shu munosabat bilan *in vitro* sharoitida olingan regenerantlarning genetik barqarorligini saqlab qolish va donor genotip bilan genetik mosligini aniqlash mikroko‘paytirish protokollarining ishonchliligini tasdiqlashning muhim bosqichlaridan biri hisoblanadi. Shu maqsadda regenerantlarning genetik barqarorligini mikrosatellit (SSR) markerlari yordamida baholash amalga oshirildi. Tadqiqot materiali sifatida *Ajuga turkestanica* o‘simligi 2023-yil iyul oyida O‘zbekiston Respublikasi Surxondaryo viloyati Boysun tumanidagi tabiiy populyatsiyadan yig‘ildi. O‘simliklar ildiz tizimi shikastlanmasligi uchun ildiz atrofi tuprog‘i bilan birgalikda ehtiyotkorlik bilan olindi, tabiiy sharoitda sug‘orildi va mexanik ta’sirni kamaytirish maqsadida himoyalangan paketlarda laboratoriyaga olib kelindi. Tadqiqotda foydalanilgan barcha eksperimental materiallar bitta donor

genotipdan (T0) olindi. Bunday yondashuv regenerantlarda aniqlanishi mumkin bo‘lgan molekulyar farqlarning genotiplar o‘rtasidagi tabiiy tafovutlar bilan emas, balki *in vitro* kulturasi jarayoni bilan bog‘liqligini baholash imkonini berdi. *In vitro* regenerantlarning genetik barqarorligi AJ01, AJ02, AJ04 va AJ08 yadro mikrosatellit (SSR) lokuslari yordamida baholandi. Ushbu primer juftlari *Ajuga* turkumi uchun ishlab chiqilgan bo‘lib, turkum doirasida ishonchli kross-amplifikatsiya qilishi va to‘qima kulturasi davomida yuzaga kelishi mumkin bo‘lgan allelik o‘zgarishlarni aniqlash imkoniyatiga ega ekanligi asosida tanlandi. Genom DNK yosh barglardan GeneJET Plant Genomic DNA Purification Kit yordamida ishlab chiqaruvchi tavsiyalariga muvofiq ajratildi. DNK sifati agaroz gel elektroforezi va ultrabinafsha spektrofotometriya yordamida tekshirildi hamda barcha namunalarda konsentratsiya 20 ng/µL ga me’yorlashtirildi. PCR amplifikatsiyasi 20 µL hajmdagi reaksiya aralashmasida bajarildi. Amplifikatsiya mahsulotlari 6 % li denaturatsiyalanmaydigan poliakrilamid gel elektroforezi yordamida ajratildi va SYBR Safe bo‘yog‘i bilan vizualizatsiya qilindi. Natijalarning takrorlanuvchanligini tasdiqlash maqsadida ayrim namunalar mustaqil ravishda qayta amplifikatsiya qilindi. Regenerantlar har bir tajriba variantida uchta mustaqil kultura idishidan (J1–J3) va ketma-ket uchta pasajdan (P1–P3) tanlab olindi. Jami to‘qqizta BAP×IBA varianti hamda MS0 nazorat muhitidan olingan 84 ta regenerant tahlil qilindi. Har bir elektroforezda donor o‘simlik (T0) allelik etalon sifatida qo‘llanildi va barcha regenerantlarning SSR profillari donor genotip bilan taqqoslandi. AJ01, AJ02, AJ04 va AJ08 lokuslarining barchasi bo‘yicha aniq hamda takrorlanuvchan amplifikatsiya mahsulotlari olindi. Tahlil qilingan barcha regenerantlarda donor o‘simlik bilan bir xil allel profillari kuzatildi. Tekshirilgan namunalarning birortasida yangi allellar, allellarning yo‘qolishi yoki fragment uzunligining takrorlanuvchi o‘zgarishlari aniqlanmadi.

Tadqiqot natijalariga ko‘ra, tahlil qilingan barcha 84 ta regenerant donor genotip (T0) bilan to‘liq mos keldi va true-to-type sifatida baholandi.

Klonal moslik 100 % ni tashkil etdi hamda genetik bir xillik barcha tajriba variantlari, mustaqil kultura idishlari va ketma-ket pasajlarda saqlanib qoldi. Olingan natijalar qo‘llanilgan *in vitro* mikroko‘paytirish sharoitida *Ajuga turkestanica* regenerantlarining yuqori genetik barqarorligini hamda AJ01, AJ02, AJ04 va AJ08 SSR markerlarining donor genotip bilan klonal moslikni ishonchli baholash imkonini berishini tasdiqladi.

ESB1 GENI GOMOLOGLARINI G‘O‘ZADA (*GOSSYPIUM HIRSUTUM* L.) BIOINFORMATIK IDENTIFIKATSIYA QILISH VA MOLEKULYAR TAVSIFLASH

Abdug‘afforov A.T., Shermatov Sh.E., Usmanov D.E., Buriyev Z.T.

O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genomika va bioinformatika markazi.
e-mail: azamatabdugafforov86@gmail.com.

Arabidopsis thaliana o‘simligini ENHANCED SUBERIN1 (*ESB1*) geniga tegishli genom DNK va mRNK nukleotid ketma-ketliklari (AT2G28670 lokusi) TAIR ma’lumotlar bazasidan olindi, oqsil ketma-ketligi esa UniProt bazasidan ajratib olindi. G‘o‘zada gomologlarni aniqlash maqsadida *ESB1* geniga tegishli nukleotid va aminokislota ketma-ketliklari NCBI ma’lumotlar bazasida BLASTN va tBLASTn algoritmlari yordamida *Gossypium* turkumi genomlari bilan taqqoslandi. Tahlil natijasida 34–62% gomologiyaga ega 100 ta ketma-ketlik aniqlandi.

Keyingi tahlillar uchun *Gossypium hirsutum* ga tegishli uchta lokus, ya’ni LOC107903001, LOC107949965 va LOC107897775 tanlab olindi. Ushbu lokuslar Arabidopsis dagi *ESB1* geni bilan 65,71–68,10% o‘xshashlikni namoyon qildi. Mazkur lokuslar g‘o‘zaning At va Dt subgenomlarida turli xromosomalarda

joylashganligi aniqlandi. Ketma-ketliklar o‘xshashligi tahlili lokuslar o‘rtasida o‘xshashlik darajasi 58,32% dan 79,57% gacha o‘zgarishini ko‘rsatdi, bu esa ularning sezilarli darajada divergensiyaga uchraganligini anglatadi. Xromosomalardagi turlicha joylashuv ushbu lokuslarning suberin sintezini tartibga solishda funksional farqlarga ega bo‘lish ehtimolini ko‘rsatadi.

Molekulyar verifikatsiya maqsadida tanlangan lokuslar asosida uch juft praymerlar ishlab chiqildi. Tetraploid (*G. hirsutum*, *G. barbadense*) va diploid (*G. arboreum*, *G. raimondii*) g‘o‘za turlaridan ajratilgan genom DNK amplifikatsiya qilindi, olingan fragmentlar klonirlandi va sekvenslandi. Ketma-ketliklar tahlili g‘o‘za genomlarida *Arabidopsis thaliana* dagi *ESB1* geniga gomolog bo‘lgan uchta genom lokuslarini aniqladi. Olingan ma’lumotlar mazkur genlarning funksional tahlili va ularning suberinizatsiya jarayonidagi ehtimoliy rolini baholash uchun asos bo‘lib xizmat qiladi

TOK (*VITIS VINIFERA L.*) NAVLARINING SUV TANQISLIGNI BAHOLASHDA KSILEMA EMBOLIYASINING AHAMIYATI

Abdullaev S., Ubaydullaeva H., Abdullaev A., Babadjanova F., Yusupov H., Eshmurzaev J., Buriev Z.

O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genomika va bioinformatika markazi.
e-mail: sadullaabdullaevich@mail.ru

Tok uzoq yillardan beri ksilema emboliyasini boshqarish mexanizmlarini o‘rganishda model o‘simlik sifatida foydalanib kelinmoqda. Ksilema emboliyasi o‘simliklar qurg‘oqchilik stressiga duch kelganda ksilemadagi bosimning pasayishi natijasida yuzaga keladi. So‘nggi tadqiqotlar strukturaviy bo‘lmagan uglevodlar emboliyaga uchragan ksilema naylarining qayta suv bilan to‘lishi uchun zarur bo‘lgan osmotik bosimni hosil qilishda muhim rol o‘ynashini ko‘rsatmoqda.

In vitro muhitida tokning Rangdor va Toyfi navlari o‘stirilib, qurg‘oqchilik stressiga duchor qilindi so‘ng qayta sug‘orildi. Poyadagi emboliya darajasi hamda uning tiklanishi mikroskop yordamida kuzatildi. Shu bilan birga, ushbu o‘simliklarda ksilema naylarining o‘lchamlari tahlil qilindi.

Har ikkala navda ham qurg‘oqchilik ta’sirida bargdagi suv potensiali sezilarli darajada kamaydi va qayta sug‘orilgandan so‘ng ksilema emboliyasidan tiklanish kuzatildi. Biroq, naylarning o‘rtacha diametri ikki navda deyarli bir xil bo‘ldi. Rangdor navi emboliyaga ko‘proq moyillikni ko‘rsatdi. Ushbu navda tiklanish jarayonida ksilema naylari diametrining kamayishi kuzatildi. To‘qimalar tiklanishi har ikkala navda ham qand miqdori bilan bog‘liq ekanligi, eruvchan strukturaviy bo‘lmagan uglevodlar va ksilema emboliyasi darajasi o‘rtasida ijobiy bog‘liqlik aniqlandi. Ushbu boshlang‘ich natijalarni mustahkam ilmiya asoslash ustida taqiqotlar davom etmoqda.

G. HIRSUTUM L. TURIGA MANSUB G‘O‘ZA NAVLAR VA LINIYALARNI *HSP70-26* GENINI MOLEKULYAR MARKERLAR ASOSIDA GENOTIPLASH

Aminjonov H.H., Adilov B.Sh., Sherimbetov A.G., Ramazonov J.D., Boyqobilov J.B., Asqarova Z.R.

O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genetika va o’simliklar eksperimental biologiyasi instituti.
e-mail: efootbolkonami1111111@gmail.com

Global iqlim o‘zgarishi natijasida atmosfera haroratining ortishi qishloq xo‘jaligi ekinlari, jumladan g‘o‘zaning o‘sishi, rivojlanishi va hosildorligiga salbiy ta'sir ko‘rsatmoqda. Yuqori harorat fotosintez intensivligini pasaytiradi, oqsillar denaturatsiyasini kuchaytiradi hamda hujayra metabolizmining izdan chiqishiga

olib keladi. Shuning uchun issiqlik stressiga chidamli genotiplarni aniqlash va ularni seleksiya jarayoniga jalb etish dolzarb ilmiy-amaliy ahamiyat kasb etadi.

O‘simliklarning yuqori haroratga moslashish mexanizmlarida Heat Shock Protein (HSP) oilasi muhim o‘rin egallaydi. Ushbu oilaga mansub HSP70 oqsillari molekulyar shaperon vazifasini bajarib, stress sharoitida denaturatsiyaga uchragan oqsillarning qayta tiklanishini ta'minlaydi hamda hujayra ichki gomeostazini saqlab turadi. So‘nggi molekulyar-genetik tadqiqotlarda *HSP70-26* genining promotor qismidagi 22 juft nukleotiddan iborat deletsiya (del-22) issiqlik va qurg‘oqchilik stressiga chidamlilik bilan bog‘liqligi aniqlangan. Mazkur allelni molekulyar marker sifatida qo‘llash markerlarga asoslangan seleksiya (MAS) samaradorligini oshirish imkonini beradi.

Tadqiqot obyekti sifatida mahalliy hamda introduksiya qilingan 24 ta *Gossypium hirsutum* nav va liniyalari tanlandi. Yosh barg namunalari Toshkent viloyatining tajriba va ishlab chiqarish maydonlaridan shonalash fazasida yig‘ildi.

Genom DNK PureLink Genomic Plant DNA Purification Kit yordamida ishlab chiqaruvchi tavsiyalariga muvofiq ajratib olindi. Ajratilgan DNK namunalarining miqdori va sifati NanoDrop Eight spektrofotometri yordamida baholandi. A260/A280 ko‘rsatkichlari namunalarning keyingi molekulyar tahlillar uchun yetarli darajada toza ekanligini tasdiqladi.

HSP70-26 genining promotor qismidagi del-22 allelini aniqlash maqsadida maxsus primerlar yordamida polimeraza zanjir reaksiyasi o‘tkazildi. PZR mahsulotlari 1,5 % li agaroza gel elektroforezida ajratilib, Gel Imaging System tizimi yordamida vizuallashtirildi. Amplifikatsiya natijalari asosida har bir namunaning genotipi baholandi.

O‘tkazilgan molekulyar tahlillar *HSP70-26* genida allelik polimorfizm mavjudligini ko‘rsatdi. Tadqiq qilingan 24 ta g‘o‘za genotipining 20 tasida HSP70-26 genining normal (wild-type) alleli aniqlangan bo‘lsa, 4 ta namunada del-22 alleli

gomozigot holatda qayd etildi. Wild-type genotiplarda kutilgan o‘lchamdagi PZR mahsuloti hosil bo‘lgan bo‘lsa, deletsiya mavjud namunalarda amplifikatsiya kuzatilmadi. Bu holat deletsiya tufayli primerlarning bog‘lanish hududi buzilganligi bilan izohlandi.

Aniqlangan genetik polimorfizm HSP70-26 lokusining o‘rganilgan g‘o‘za genofondida sezilarli darajada xilma-xilligini namoyon etdi. Ma'lumki, HSP70 oilasi oqsillari yuqori harorat sharoitida hujayra oqsillarining funksional holatini saqlashda, fermentlar faolligini barqarorlashtirishda va fotosintez apparatini termik shikastlanishdan himoya qilishda muhim biologik vazifalarni bajaradi. Shu sababli *HSP70-26* genidagi funksional polimorfizmlar o‘simlikning termotolerantlik darajasiga bevosita ta'sir ko‘rsatishi mumkin.

Del-22 allelining aniqlanishi ushbu lokusni markerlarga asoslangan seleksiya dasturlarida qo‘llash imkoniyatlarini kengaytiradi. Molekulyar markerlardan foydalanish seleksiya jarayonida fenotipik baholashga nisbatan ancha tezkor va ishonchli usul hisoblanadi.

Tadqiqot natijasida *Gossypium hirsutum* nav va liniyalarida *HSP70-26* genining del-22 alleli bo‘yicha genetik polimorfizm aniqlandi. O‘rganilgan 24 ta genotipning 20 tasida wild-type alleli, 4 tasida esa del-22 deletsiya alleli gomozigot holatda qayd etildi. Olingan natijalar HSP70-26 genining del-22 alleli g‘o‘zaning issiqlik stressiga chidamliligini baholashda ishonchli molekulyar marker bo‘lib xizmat qilishi mumkinligini ko‘rsatadi. Ushbu marker asosida markerlarga asoslangan seleksiya usullarini amaliyotga joriy etish iqlim o‘zgarishi sharoitiga moslashgan, yuqori termotolerant g‘o‘za navlarini yaratish samaradorligini oshirishga xizmat qiladi.

GENOMLARARO [(A1×G) × AD1] MURAKKAB F1 DURAGAYLARINING MORFOBIOLOGIK TAVSIFI

[1]Arslanova S.K., [1]Rafiyeva F.U., [1,2]Iskandarov A.A., [1]Muhammadiyev A.O., [1]Ziyayev A., [1]Jummayeva M., [1,3]Kushanov F.N.

[1]O‘zR FA Genetika va o‘simliklar eksperimental biologiyasi instituti;
[2]Toshkent davlat tibbiyot universiteti;
[3]O‘zbekiston milliy universiteti.
e-mail: arslanovasevara@87gmail.com

F_1 [(*G. herbaceum* subsp. *euherbaceum* A-256 × *G. nelsonii*) × *G. hirsutum* subsp. *euhirsutum* Ravnaq-1] murakkab duragay o‘simliklarni morfologik kuzatshlar natijasida gultoj rangi bo‘yicha farq qiluchi o‘simliklar uchradi. Bir qismining gultojlar rangi qaymoq rangda, ikkinchi qismining gultoj rangi to‘q pushti rangda. Qolgan belgilari bo‘yicha xech qanday farq kuzatilmadi.

O‘simligining poyasi tik o‘suvchan, tarvaqaylagan, daraxtsimon yoki buta shaklida. Barglari o‘rtacha zichlikda joylashgan. Asosiy poyaning bo‘yi 230-255 sm, yashil, kuchli tuklangan, poyasi kuchsiz antotsian qizarishga ega. Bo‘g‘inlarning umumiy soni 35,0-42,0 ta. Shoxlanishi- simpodial tipda, 1-chi simpodial hosil shoxi (hs) 5-8 chi bo‘g‘inda, monopodial shoxlar (m) 1-3 ta, simpodiyalar (s) 31-35 ta. Xosil shoxi (simpodiyal shox) xar bir bo‘g‘inda 2-3 tadan joylashgan. Simpodiyadagi bo‘g‘inlar soni 4-12 gacha bo‘lib, simpodiyalarning xar bir bo‘g‘inida bittadan cheklangan va cheklanmagan xosil shoxi bor. Bo‘g‘inlar orasidagi masofa 15-30 sm, 3-4 tip. Asosiy poyadagi bo‘g‘inlar oralig‘i esa, 5-10 sm. Bargi katta hajmli (21,5 × 1,90 sm) bo‘lib, och yashil rangda, 3-5 bo‘lakli, bo‘laklari yumaloq. Tuklanishi qalin. Nektardoni 3 ta, rangsiz, nayzasimon uchli (shakli *G. nelsonii* ga o‘xshash). Barg bandi uzunligi 7,5-17,0 sm, yashil, old tarafida qizg‘ish ontatsion dog‘i bor. Yonbargchasi 2 ta, lansetsimon, doimiy. Guli katta 7-8 sm, qo‘ng‘iroqsimon, o‘rtacha kenglikda ochiluvchan. Gulbandi uzun, uzunligi 5,5-7,5 sm, mayda gossipol bezlari bi-lan

qoplangan. Gulyonbargi 3 ta, och yashil, 9-11 tishchali, 6×3 sm, mayda gos-sipol bezlari va tuklar bilan qoplangan. Gulyonbargning tashqi nektardoni 3 ta, yumaloq shaklda, rangsiz, ichki nektardoni 3ta, mayda gossipol bezlari bilan qoplangan. Gulkosabargi 5 ta tishchali, och yashil, gassipol bezlari bi-lan qoplangan. Gultojbargi 5 ta bo‘lib yaproqlardan iborat bo‘lib, biroz gofrillangan, hajmi 7,2 × 6,0 sm, rangi to‘q pushti rang, asosida kuchli onta-sion dog‘i bor. Changchi ustunchasi konussimonning balandligi 3,5 sm, chang-donlar o‘rtacha zichlikda joylashgan. Changdon va changchilar rangi sariq, changchi ipchalari pushti, urug‘chi tumshuqchasi 3-4 ustunchali, otalik ustunchasidan 0,5-0,7 sm turtib chiqqan. Ko‘saklari kichik, sharsimon shaklda, siyrak tuklar bilan qoplangan, 4-5 chanoqli. Tolasi och novvot rang-yaltiroq, juda silliq va pishiq, uzunligi 18 mm.

F_1 [(*G. herbaceum* subsp. *frutescens* × *G. nelsonii*) × *G. hirsutum* subsp.*euhirsutum* Ravnaq-1] murakkab duragay o‘simliklarining ham morfologik tuzilishida farqlar borligi kuzatilib, ulardan bir qismining poyasi yig‘iq va gullari kichiroq, ikkinchi qismining esa poya shakli tarvaqaylagan va gullari yirik bo‘lganligi kuzatildi. O‘simligining poyasi tik o‘suvchan, tarvaqaylagan. Barglari yirik, o‘rtacha zichlikda joylashgan. Asosiy poyaning bo‘yi 245-250 sm, qizg‘ish, kuchli tuklangan.

Bo‘g‘inlarning umumiy soni 40,0-45,0 tani tashkil etdi. Shoxlanishi-simpodial tipda, 1- simpodial hosil shoxi (hs) 5-7 - bo‘g‘inda, monopodial shoxlar (m) 1-3 ta, simpodiyalar (s) 36-39 tani tashkil etdi. Hosil shoxi (simpodiyal shox) xar bir bo‘g‘inda 2-3 tadan joylashgan. Simpodiyadagi bo‘g‘inlar soni 4-12 gacha bo‘lib, simpodiyalarning xar bir bo‘g‘inida bittadan cheklangan va cheklanmagan hosil shoxi bor ekanligi kuzatildi.

Bo‘g‘inlar orasidagi masofa 15-30 sm gacha bo’lib, 3-4 tip shoxlanishga ega. Asosiy poyadagi bo‘g‘inlar oralig‘i esa, 5-10 sm. Nektardoni 2-3 ta, rangsiz, nayzasimon uchli (shakli *G.nelsonii* ga o‘xshash). Barg bandi uzunligi 7,0-16,8 sm,

to‘q yashil, old tarafida to‘q qizil ontatsion dog‘i bor, gossipol bezlari bilan qoplangan. Yonbargchasi 2 ta, keng, doimiy. Guli katta 7-8 sm, qo‘ng‘iroqsimon, o‘rtacha kenglikda ochiluvchan. Tolasi och novvotrangli, yaltiroq, juda silliq va pishiq, uzunligi 19 mm ni tashkil etdi.

Bugungi kunda ushbu duragaylarda bekkross chatishtirish va molekulyar genetik tahlillar amalga oshirilmoqda.

STUDYING SOME PHYSIOLOGICAL RESPONSES OF DIFFERENT POMEGRANATE (*PUNICA GRANATUM* L.) VARIETIES UNDER DROUGHT STRESS TO DETERMINE DROUGHT TOLERANCE

Arzikulov I.A., Yuldoshov U.Kh., Sindarov B.A., Kholikov A.N.

Research Institute of Plant Genetic Resources Uzbekistan.
e-mail: arzikulovilyos8@gmail.com

Currently, global climate change is causing many problems in the cultivation of agricultural products. Among these problems, one of the abiotic stresses that limit the growth and productivity of plants, including pomegranate trees, is water scarcity.

In pomegranate cultivation, it is very important to select drought-tolerant pomegranate varieties, as well as understand the mechanisms of drought tolerance, to reduce the impact of drought stress and optimize the use of water resources.

Pomegranate has several complex mechanisms to maintain its viability under drought stress. Understanding these mechanisms can help breeders select drought-tolerant varieties, including physiological markers such as ion flux, proline content, and antioxidant enzymes.

Drought stress disrupts the osmotic balance in plant cells and causes dehydration. Under such conditions, proline accumulation increases. Proline is one of the most important stress metabolites, which has the ability to regulate cellular

osmotic potential, stabilize proteins and membranes, reduce ROS, and serve as an energy and nitrogen reserve. An increase in proline under cold conditions is often considered an important sign of stress adaptation.

Cellular dehydration is one of the most important consequences of cold stress, which increases oxidative damage processes. As a result, membrane lipid peroxidation is accelerated and malondialdehyde (MDA) levels increase. The accumulation of MDA is one of the important indicators reflecting the degree of damage to biomembranes, and its increase indicates a violation of membrane integrity and functional stability. As a result of cell membrane damage, the balance of ions is disturbed.

This study selected seven pomegranate samples from the existing pomegranate collections at the Surkhandarya Scientific and Experimental Station of the Research Institute of Plant Genetic Resources. The Lola, Kampirtepa-2, Dashnabot, Kazake pomegranate, Kizil-puchok, Shirin-Achiq pomegranate and Wonderful (danaksiz) pomegranate varieties were selected and a study was conducted to assess the resistance of one-year-old seedlings to drought stress.

At the beginning of July, six plants from each variety were selected for stem height and thickness, free from diseases and divided into two groups: Control (3 plants from each variety) provided with 100% field moisture capacity and drought-stress (3 plants from each variety) provided with 35% field moisture capacity. The method of Fayek M.A. et al. (2022) was used to provide field moisture capacity.

The study lasted 21 days, phenological observations were conducted daily. On the last day of the study, leaf samples were collected and physiological markers - ion flux, proline, MDA content were determined. According to the results of the study, the Kizil-puchok, Dashnabot and Wonderful (danaksiz) pomegranate varieties showed higher drought tolerance than the other samples.

O‘SIMLIKLARDA ABIOTIK STRESSGA JAVOB BERUVCHI GENLAR VA ULARNI MOLEKULYAR TAHRIRLASH USULLARI

Babadjanova F.I., Ubaydullaeva X.A., Eshmurzayev J.B., Orifjonova U.A., Abdullaev A.N., Yusupov H.N., Abdullaev S.A., Buriyev Z.T.

O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genomika va bioinformatika markazi.
e-mail: babajanovaf20@gmail.com

Barqaror qishloq xo'jaligi va oziq-ovqat xavfsizligini ta'minlash uchun stressga chidamli o'simliklarni rivojlantirish bugungi kunda dolzarb masalaga aylandi. Abiotik stresslarga qarshi tabiiy moslashuv mexanizmlari mavjud bo'lsa-da, ular ko'pincha tizimli emas. O'simliklarni samarali himoya qilishni ta'minlash uchun yangi usul va yondashuvlar zarur. So'nggi yillarda ishlab chiqilgan RNK interferensiyasi (RNAi) va CRISPR/Cas9 kabi genlarni tahrirlash texnologiyalari o'simliklarning stressga chidamliligini yaxshilash uchun katta imkoniyatlar yaratadi. RNK mexanizmi mikroRNKlar orqali ma'lum genlarning ekspressiyasini susaytirishga imkon bersa, CRISPR/Cas9 DNKni aniq va samarali tahrirlashga imkon beradi. Abiotik stress uchun mas'ul bo'lgan asosiy genlar o'simliklarda har xil bo'lishi mumkin, ammo ularning vazifasi asosan stressdan himoya mexanizmlarini faollashtirish, stress signallarini qabul qilish va signalizatsiya jarayonlarini boshqarishga qaratilgan. Xususan, *DREB, NAC, WRKY, HKT1, SOS1, NHX1* va *LEA* genlari deyarli barcha evolyutsion rivojlangan o'simliklarda mavjud. Ular stressga javob berishda umumiy va muhim rol o'ynaydi.

DREB, NAC va *WRKY* genlari o'simliklarning stressga javoblarida muhim rol o'ynaydigan asosiy transkripsiya omili genlaridir. Ular turli signalizatsiya yo'llarini tartibga solish, hujayra stressga javoblarini boshqarish va chidamliligini oshirishda ishtirok etadi. RNK interferensiyasi - bu eukaryotik hujayralarda gen ekspressiyasini transkripsiyadan keyingi nazorat qilish imkonini beruvchi tabiiy molekulyar mexanizm. RNKi texnologiyasida maqsadli genning ekspressiyasi

maxsus maqsadli kichik interferentsial RNKlar (siRNA, miRNA) yordamida sustlashadi yoki susayadi. Bu usul tadqiqot jarayonlarida va agrobiotexnologiyada faol qo'llaniladi. Shuningdek, u o'simliklarni qurg'oqchilik, yuqori harorat, sho'rlanish kabi stresslarga barqarorlashtirish va abiotik stresslar uchun mas'ul bo'lgan genlarni maqsadli nazorat qilish imkonini beradi. RNKi orqali qurg'oqchilik, sho'rlanish va harorat o'zgarishiga moslashgan o'simlik navlarini yaratish bo'yicha tadqiqotlar olib borildi.

CRISPR/Cas9 texnologiyasi o'simliklarning qurg'oqchilik, sho'rlanish, past va yuqori haroratlarga chidamliligini oshirish uchun ishlatilishi mumkin. Ushbu texnologiya o'simliklarda stressga javob beradigan genlarni ishonchli va samarali ravishda tahrirlaydi. Natijada, stomatalarning yopilishi, gaz almashinuvini cheklash, fotosintezni kuchaytirish, antioksidantlar miqdorini ko'paytirish, suv sarfini kamaytirish va yuqori sifatli va barqaror hosildorlikka erishish kabi ijobiy o'zgarishlar kuzatiladi. RNAi va CRISPR/Cas9 texnologiyalari o'simliklarni biotik va abiotik stresslarga (qurg'oqchilik, sho'rlanish, past va yuqori haroratlar) chidamliroq qilish uchun ishlatiladi. RNAi gen ekspressiyasini kamaytirish orqali ishlaydi, bu esa gen funktsiyasini vaqtincha to'xtatadi. Boshqa tomondan, CRISPR/Cas9 texnologiyasi genomni tahrirlash orqali genlarning funktsiyasini uzoq muddatga o'zgartirishi mumkin. RNAi ta'siri vaqtinchalik va gen ekspressiyasining pasayishi bilan cheklangan. Boshqa tomondan, CRISPR/Cas9 genomdagi o'zgarishlar orqali uzoq vaqt davomida samarali ishlashini ko'rsatdi. Agar asosiy vazifa faqat gen ekspressiyasini kamaytirish bo'lsa va uzoq muddatli o'zgarishlar mavjud bo'lsa, RNAi texnologiyasidan foydalanish maqsadga muvofiqdir. RNAi va CRISPR/Cas9 texnologiyalarini birgalikda qo'llash orqali gen funktsiyasi darajasini pasaytirish va genom tuzilishini aniq o'zgartirish mumkin. Natijada, bu o'simliklarda stressga chidamlilikni oshirish uchun yangi imkoniyatlar yaratadi.

FITOXROM GENLARI ORQALI FOTOMORFOGENEZ VA STRESS JAVOB REAKSIYALARINING MUVOFIQLASHUV MEXANIZMLARI

Babadjanova F.I., Ubaydullaeva X.A., Eshmurzayev J.B., Abdullaev A.N., Buriyev Z.T.

O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genomika va bioinformatika markazi.
e-mail: babajanovaf20@gmail.com

Fitoxromlar yordamida o‘simlik yorug‘lik muhitiga mos ravishda harorat va boshqa stress omillarini aniqlaydi. Bu signallarni qabul qilganidan so‘ng, o‘simlik stressga javob sifatida fiziologik jarayonlarni faollashtiradi. Fitoxrom genlari (*PhyA, PhyB, PhyC, PhyD, PhyE*) o‘simliklarda nurlanishni yorug‘lik signallarini qabul qilish va muhit omillariga moslashishda muhim rol o‘ynaydi. Ular fitoxrom deb nomlanuvchi pigment (rang beruvchi molekula) va oqsillar guruhiga mansub bo‘lib, asosan qizil (R) va uzoq qizil (far-red, FR) yorug‘lik signallarini qabul qiladi.

Fitoxromlar yorug‘likni qabul qiladigan va unga reaksiya ko‘rsatadigan oqsillar bo‘lib, o‘simliklarda gullash, o‘sish, urug‘larning rivojlanishi kabi turli fiziologik jarayonlarni tartibga soladi. Fitoxrom genlarini asosan yorug‘lik bilan bog‘liq bo‘lgan tadqiqotlar ko‘p o‘rgailgan bo‘lsada, ammo o‘simliklar stresga ta’siri borasidagi tadqiqotlar nisbatan kam o‘rganilgan. Ushbu tadqiqotda fitoxrom genlarining stresga javob reaksiyalari borasidagi tadqiqotlar bayon etilgan. Fitoxromlar o‘simlikning rivojlanishi, gullashi, urug‘ yetilishi, egiluvchanligi va stress omillarga javob reaksiyalarini boshqarib boradi.

PhyA asosan uzun to‘lqinli qizil (far-red) nurga javob beradi. U qorong‘ulikda sintezlanadi va yorug‘lik ta’sirida tez parchalanadi. Abiotik stresslarda *PhyA* antioksidant fermentlar faolligini oshirishi mumkin. *PhyA* ning ekspressiya darajasi quyosh nurlanishi va mexanik stresslarga bog‘liq ravishda o‘zgaradi. *PhyB* asosan qizil nurni sezadi va fotoperiodizm, fototropizm hamda bo‘yiga cho‘zilib o‘sishni

tartibga solishda ishtirok etadi. *PhyB* stresslarga qarshi gormonlar, jumladan abssiz kislotasi (ABA) va jasmon kislotasi (JA) bilan kompleks ta’sirda bo‘lib, stressga qarshi reaksiyani muvozanatlashtiradi. Yuqori harorat stressini sezishda *PhyB* faol ishtirok etadi. Uning aktiv formasi yuqori haroratda passiv holatga o‘tadi, bu esa fotomorfogenez va stomalarning ochilishiga ta’sir ko‘rsatadi. Ultrabinafsha-B nurlanish va oksidlovchi stresslarga munosabatda *PhyB* ishtirok etadi, bu jarayonda jasmon kislota va salitsil kislota singari gormonlar orqali himoya tizimi faollashadi. *PhyC* yakkka holatda ishlamaydi, balki *PhyB* bilan geterodimer tashkil qilib, nur signallarini yetkazishda ishtirok etadi. Stresslarga javob reaksiyalarida *PhyC* va *PhyB* bilan birgalikda faoliyat yuritadi. *PhyC* ning ekspressiya darajasi fotoperiod va muhitdagi o‘zgarishlarga javoban o‘zgarishi mumkin. U *PhyB* bilan birgalikda ishlaydi va gullash vaqti, harorat sezuvchanligi hamda nurga javob reaksiyalarini tartibga solishda ishtirok etadi. *PhyD* ham *PhyB* ga o‘xshash xususiyatlarni namoyon etib, asosan qizil nurga sezuvchandir. Fotomorfogenez va nur-stressga javob reaksiyalarida *PhyB* bilan funksional o‘xshashlikka ega. Tashqi muhit ta’sirlariga o‘simlik rivojlanishini moslashtirishda ishtirok etadi. *PhyB*, qizil nur ta’sirida ER-stressga (Endoplasmic Reticulum stress response) sezuvchanlikni mustahkamlashga qodir ekanligi tabiiyki, bu *PhyD* va *PhyB* ning bir xil funksiyani bajarayotganini ko‘rsatadi. Hozirgi zamon tadqiqotlari HIL (High-intensity light) stressini yengishda *PhyB* va *PhyC* rolini o‘rgangan. Ular HIL stress signalini qabal qilish va fotosintez jarayonini muvozanatlashtirishda faol ishtirokini ko‘rsatadi. *PhyE* ham *PhyB* va *PhyD* bilan muvofiqlashgan holda faoliyat yuritadi. Qizil nurga sezuvchanligi tufayli u fotomorfogenetik jarayonlarda qatnashadi. *PhyE, PhyB* va *PhyD* bilan birgalikda yorug‘lik va haroratga javob reaksiyalarida ishtirok etadi.

QURG‘OQCHILIK MUHITIDA *G. HIRSUTUM* L. TURIGA MANSUB G‘O‘ZA NAMUNALARNING FIZIOLOGIK BELGILARINI TAHLILI

Boyqobilov U.A., Xusenov N.N., Norbekov J.K., Normamatov I.S., Mamanazarov Sh.I., Muxammadaliyev R.I.

O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genomika va bioinformatika markazi
e-mail: umidjanboyqobilov284@gmail.com

Butun dunyo miqyosida g‘o‘za qariyb 8 milliard kishining ehtiyojini qondirish uchun yetishtiriladigan sanoat xomashyosi uchun ekiladigan ekindir. Statistik tahlillarga ko‘ra, 2050 yilga kelib dunyo aholisining soni taxminan 9 milliard kishiga yetadi va bu oziq-ovqat va tolaga bo‘lgan talabning ortishiga olib keladi. Shu bois, g‘o‘za navlarining biotik va abiotik stresslarga bardoshli, hosildorligi yuqori va tola sifat ko‘rsatkichlari yaxshilash, g‘o‘za seleksiyasida eng muhim vazifalaridan biri hisoblanadi.

O‘simlikning stressga chidamliligini belgilovchi muhim o‘zgarishlar fotosintezdagi o‘zgarishlar, suvdan foydalanish samaradorligi va oksidlovchi stress yo‘llarining o‘zgarishini o‘z ichiga oladi. Bundan tashqari, har bir o‘simlikdagi ildiz rivojlanishi, barg va novdalardagi o‘zgarishlar stressga chidamlilikka javob sifatida juda muhimdir.

G‘o‘zada qurg‘oqchilikka chidamlilikning fiziologik yondashuvlari ishlab chiqilgan bo‘lib, ular fotosintetik javob, osmotik moslashuv, stomatal regulyatsiya, barg suvining kam yo‘qotilishi, yuqori nisbiy suv miqdori va ildizlarning kengayishi kabilardir. Shu maqsadda, g‘o‘zaning *G. hirsutum* L. turiga mansub turli nav va genotiplarni suv tanqisligiga chidamligini aniqlash bo’yicha tadqiqotlar olib borildi.

Tadqiqot obyekti sifatida tanlangan g‘o‘zaning 27 dona turli genotipga mansub genotiplarini suv tanqisligiga chidamligini tekshirish maqsadida

markazning maxsus urug‘chilik xo‘jaligida ikki xil optimal (OP) va qurg‘oqchilik sug‘orish fonida (QSF) tajriba olib borildi.

Tajriba davomida namunalarda eng muhim fiziologik ko‘rsatkichlar, xlorofil miqdori va fiziologik belgilar bo‘yicha tahlil ishlari amalga oshirildi. Tanlangan g‘o‘za namunalari barglarining nisbiy suv miqdor (Relative Water Content, RWC) ko‘rsatkichlari optimal (Opt_RWC) va qurg‘oqchilik stress (Dr_RWC) sharoitlarda taqqoslandi. Tadqiqotdan natijalaridan shuni ko’rsatadiki, barcha o‘rganilgan genotiplarda optimal sharoit qiymatlari qurg‘oqchilik stress sharoitiga nisbatan sezilarli darajada yuqori bo‘lib, bu suv tanqisligi o‘simlik fiziologik holatiga salbiy ta’sir ko‘rsatishini ko‘rsatdi. Namunalarning Opt_RWC ko‘rsatkichi 65–85% oralig‘ida kuzatilgan bo‘lsa, Dr_RWC ko‘rsatkichlari 50–70% oraliq diapazonda joylashdi. Bu esa, qurg‘oqchilik stress sharoitida hujayra turgori pasayishini ko‘rsatadi. Shu bilan birga, qurg‘oqchilik stress sharoitida RWCning nisbatan kam pasayishi ayrim genotiplarda moslashuv mexanizmlarining samaraliroq ekanligini ko‘rsatadi. Tadqiqot yakunida o’rganilgan ayrim genotiplar kelgusida qurg‘oqchilikka chidamli, suvdan samarali foydalanadigan va iqlim o‘zgarishi sharoitlariga moslashgan g‘o‘za navlarini yaratish bo‘yicha seleksiya dasturlariga va molekulyar-genetik tadqiqotlarga donor genetik manba sifatida tavsiya etiladi.

BAHORGI YUMSHOQ BUG‘DOY (*Triticum aestivum* L.) GENOTIPLARINING BIOKIMYOVIY KO‘RSATKICHLARINI BAHOLASH

Eshmuradova A.A., Seitnazarova T.E.
O‘simliklar genetik resurslari ilmiy tadqiqot instituti.
e-mail: aqidaeshmuratova@gmail.com

Bug‘doy donining texnologik sifati asosan oqsil va kleykovina miqdori bilan belgilanadi. Oqsil miqdori yuqori bo‘lgan navlar non mahsulotlari ishlab chiqarishda yuqori baholanadi. Shu bilan birga kraxmal miqdori ham donning energiya qiymatini belgilaydi.

Bug‘doy donida 9 foizdan 25 foizgacha oqsil, 63-74% gacha kraxmal, 2% gacha kletchatka mavjud. Bunda bug‘doy mahsulotlarini qayta ishlash hisobiga (non, yormalar, un) ovqatlanishda deyarli 40% umumiy kaloriya va taxminan 50% oqsilga bo‘lgan ehtiyoj, shuningdek, 60% uglevodga bo‘lgan ehtiyoj qondiriladi.

Tadqiqotlarda bug‘doy navlarining biologik ko‘rsatkichlari donning hajmiga kuchli ta’sir ko‘rsatishi hamda ushbu ko‘rsatkichlarning ekologik sharoitlar bilan bevosita bog‘liqligi aniqlangan. Shu sababli, yuqori hosildorlikka ega va sifatli don beruvchi navlarni yaratishda mazkur biologik va agronomik ko‘rsatkichlarni hisobga olish muhim ahamiyatga ega ekanligi ta’kidlanadi.

Bug‘doy donning kattaligi va to‘la bo‘lishi, muhim ko‘rsatkichlaridan biri hisoblanadi. Bug‘doyning un berish xususiyati donning yirikligiga bog‘liq, chunki u qancha yirik bo‘lsa, dondagi endosperm ham shunchalik ko‘p bo‘ladi, natijada esa bunday donlardan ko‘p un chiqadi.

Bahorgi yumshoq bug’doyning 100 dan ortiq genotiplari o‘rganildi. Tajribalar laboratoriya sharoitida bahorgi yumshoq bug‘doy (*Triticum aestivum* L.) genotiplarining biokimyoviy ko‘rsatkichlari aniqlandi.

Tadqiqot uslublari. Don namunalaridagi oqsil, kleykovina, kletchatka, kraxmal va namlik miqdorlari «ИнфраЛЮМ ФТ-12 ВИК» analizatorida uch takrorlikda aniqlandi. Olingan natijalar B.A. Dospexov usuli asosida statistik tahlil qilindi.

Bahorgi yumshoq bug‘doy namunalari orasida biokimyoviy ko‘rsatkichlari bo‘yicha katta farqlar mavjudligi aniqlandi. Laboratoriya tahlili natijasida bahorgi yumshoq bug‘doy doni tarkibida oqsil miqdori 10,36 % dan 20,26 % gacha o‘zgardi.

Oqsil miqdori Andoza Tezpishar navida 14,20 ± 0,71 ko‘rsatgan bo‘lsa, quyidagi bahorgi yumshoq bug’doyda eng yuqori oqsil miqdori 8047, 8064, 3095,

3677 namunalarida mos ravishda 20,26 ± 0.02 , 18,33 ± 0.02, 18,19 ± 0.02, 17,84 ± 1.10 kuzatildi, eng past ko‘rsatgich 3340 namunasida 10,36 ± 0,03 aniqlandi.

Kleykovina bug‘doy donining eng muhim sifat ko‘rsatkichlaridan biridir. Tadqiqot natijalariga ko‘ra, kleykovina miqdori 17,93 % dan 40,45 % gacha o‘zgardi. Andoza Tezpishar navida 34,17 ± 0,16 ko‘rsatgan bo‘lsa, eng yuqori ko‘rsatkichlar: 8047, 2791, 2784, 3095 namunalarida (mos ravishda) 40,45 ± 4,38, 39,49 ± 3,66, 38,03 ± 0,04, 37,76 ± 1,31 eng past ko‘rsatkich 7717 namunada 17,93 ± 022 tashkil etdi.

Bug‘doy donida kletchatka ko‘rsatkichi energiya qiymatini oshiradi. Tadqiqot natijalariga ko‘ra, kletchatka ko‘rsatkichi 2,01 % dan 3,16 % gacha o‘zgarib turdi. Ushbu ko’rsatkich Andoza Tezpishar navida 2,46 ± 0,020 tashkil qildi. Eng yuqori ko‘rsatkichlar 3340, 3205, 3194, 3189 namunalarida (mos ravishda) 3,16 ± 0,14, 3,16 ± 0,14, 3,13 ± 0,03, 3,12 ± 0,04 eng past ko‘rsatkich esa 79712 namunasida 2,01 ± 0,02 aniqlandi.

Kerakli namlik donni saqlash va qayta ishlash uchun muhim ahamiyatga ega. Tadqiqot natijalariga ko‘ra, ko‘pchilik namunalarda namlik 10-11 % atrofida bo‘lib, bu odatiy texnologik ko‘rsatkich hisoblanadi. Don namligi ko‘rsatkichlari 9,66 % dan 12,79 % gacha o‘zgarib turdi. Bunda Andoza Tezpishar navida 10,30 ± 0,01 ko’rsatgan bo‘lsa, eng yuqori ko‘rsatkichlar 2949, 8315, 347 namunalarida (mos ravishda) 12,79 ± 1,10, 11,36 ± 0,01, 11,32 ± 0,02 eng past ko’rsatgich 3335 namunada 9,66 ± 0,02 aniqlandi.

Bug‘doy donida kraxmal asosiy uglevod komponenti hisoblanadi. Tadqiqot natijalariga ko‘ra, kraxmal miqdori 51,63 % dan 59,70 % gacha o‘zgarib turganligini ko‘rishimiz mumkin. Andoza Tezpishar navida kraxmal miqdori 53,26 ± 0,16 ko‘rsatgan bo‘lsa, eng yuqori kraxmal miqdori quyidagi: 7717, 8333, 8390, namunalarda (mos ravishda) 59,70 ± 0,36, 59,68±0,56, 59,58 ± 0,02, eng past ko‘rsatkich 2784 namunada 51,63±0,13 aniqlandi.

Tadqiqot natijalariga ko‘ra, bahorgi yumshoq bug‘doy genotiplari biokimyoviy ko‘rsatkichlari bo‘yicha sezilarli farqlanishi aniqlandi. Oqsil miqdori 10,36-20,26 %, kleykovina 17,93-40,45 %, kraxmal 51,63-59,70 %, kletchatka 2,01-3,16 % va namlik 9,66-12,79 % oralig‘ida o‘zgardi. Yuqori oqsil va kleykovina ko‘rsatkichlariga ega bo‘lgan 28 ta istiqbolli genotip seleksiya ishlari uchun ajratib olindi.

TURLI G‘O‘ZA NAVLARI URUG‘LARINING METABOLIK PROFILLANISHI

Isomiddinova O.L., Kamburova V.S., Usmanov D.E., Mamatkulova Sh.X.

O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genomika va bioinformatika markazi
e-mail: isomiddinovaorastabonu@gmail.com

Ma’lumki, genetik modifikatsiya jarayonida kutilmagan ta’sirlar genetik modifikatsiyalangan organizmlarni olish jarayonining oqibatlaridan biri hisoblanadi. Bu ta’sirlar genomga DNK ketma-ketliklarining tasodifiy kiritilishi natijasida ilgari faol bo‘lgan genlarning ekspressiyasi pasayishi yoki o‘zgarishi, shuningdek ilgari “sukutda bo‘lgan” genlarning faollashishi ko‘rinishida namoyon bo‘lishi mumkin.

Bunday ta’sirlarni aniqlash uchun ko‘pincha “fingerprinting” (profil tahlili) usuli qo‘llanadi. Bu usul hujayra va to‘qimalardagi ma’lum kimyoviy birikmalar sinfining to‘liq spektrini ularning biologik funksiyasidan qat’i nazar aniqlash imkonini beradi va shu orqali o‘rganilayotgan genotipning individual xususiyatlarini tavsiflaydi.

Shu munosabat bilan ushbu ishda g‘o‘zaning 3 ta navi metabolomik jihatdan profillandi. Ulardan 2 tasi genetik modifikatsiyalangan, 1 tasi esa transformatsiya qilinmagan nav hisoblanadi.

G‘o‘za urug‘i namunalarini ekstraksiya qilish VEXX-MS (HPLC-MS) usuli uchun optimallashtirilgan modifikatsiyalangan ikki fazali erituvchi tizimi yordamida amalga oshirildi. Yuqori aniqlikdagi mass-spektrometrik aniqlash ultra yuqori samarali suyuqlik xromatografiyasi tizimi bilan bog‘langan kvadrupol-parvoz vaqti mass-spektrometri (LC-MS) yordamida bajarildi.

LC–QTOF–MS ma’lumotlarini qayta ishlash va molekulyar belgilarni ajratish uchun MetaboScape 5.0 dasturiy ta’minoti qo‘llanildi. Metabolitlarni aniqlash imkoniyatlarini kengaytirish uchun METLIN, HMDB va MassBank kabi ochiq metabolitlar bazalari integratsiya qilindi. Identifikatsiya aniqligini oshirish maqsadida MS/MS spektrlari imkon bo‘lgan hollarda MetFrag va CFM-ID dasturlari yordamida bashorat qilingan fragmentatsiya naqshlari bilan solishtirildi.

Aniqlangan metabolitlarning retensiya vaqti 0,4 dan 15 minutgacha bo‘lgan diapazonda joylashgan. Bunday keng vaqt oralig‘i samarali xromatografik ajralishni ko‘rsatadi, erta bosqichlarda eluatsiya qiluvchi yuqori polyar birikmalar, hamda C18 (teskari fazali) xromatografik kolonkada uzoqroq ushlanib turadigan gidrofob analitlar. Retensiya vaqtining taqsimlanish tahlili 1–4 minut oralig‘ida ko‘plab metabolitlar mavjudligini ko‘rsatdi. Bu esa quyidagi yarim polyar metabolitlarning yuqori miqdorda uchrashini bildiradi. Bular aminokislotalar, past molekulyar organik kislotalar, alkaloidlar, erta eluatsiya qiluvchi flavonoidlar hisoblanadi.

Bunday taqsimlanish o‘simlik metabolitlari uchun kutilgan profilga mos keladi va past molekulyar metabolitlarni aniqlash metodikasini optimallashtirish muhimligini ko‘rsatadi. Metabolitlarning prekursor ionlari m/z (massa/zaryad nisbati) qiymatlari, xususan o‘lchangan monoizotop neytral massalar, 60 dan 900 Da gacha bo‘lgan diapazonda joylashgan. Ularning asosiy qismi 100–400 Da oralig‘iga to‘g‘ri keladi. Bunday massa taqsimoti o‘simlik metabolomikasi uchun

xos bo‘lib, quyidagi birikmalar sinfini qamrab oladi: aminokislotalar, flavonoidlar, lipidlar, alkaloidlar, yog‘ kislotalari, mono- va disaxaridlar.

Past m/z qiymatlari sohasida metabolitlarning to‘planishi erkin aminokislotalar, past molekulyar peptidlar, organik kislotalar, hamda birlamchi va ikkilamchi metabolitlar mavjudligini ko‘rsatadi.

Shunday qilib, tadqiqot davomida 302 ta metabolit aniqlanib, ular turli kimyoviy birikmalar sinfini qamrab oldi. MS/MS spektrlarining mosligi va mSigma qiymatlari identifikatsiya ishonchliligining yuqori ekanligini tasdiqlaydi.

Aniqlangan metabolitlar quyidagi biosintetik yo‘llarga tegishli: yog‘ kislotalari metabolizmi, flavonoidlar biosintezi, aminokislotalar almashinuvi.

Sirius dasturi yordamida o‘tkazilgan tahlil birikmalarning tuzilishi, sinfi va biosintetik kelib chiqishi haqida yangi ma’lumotlar berdi. Natijalar g‘o‘za urug‘lari quyidagilarga boy ekanligini ko‘rsatdi: antioksidantlar, biologik faol aminlar, flavonoidlar, muhim (essensial) aminokislotalar.

PHASEOLUS AUREUS L *(VIGNA RADIATA)* ТУРИГА МАНСУБ МОШ ЎСИМЛИГИНИ БОШЛАНҒИЧ МАНБАЛАР ВА $Ғ_1$-$Ғ_2$ ЎСИМЛИКЛАРИДА ФОТОСИНТЕТИК ПИГМЕНТЛАРДАН ХЛОРОФИЛЛ “А” МИҚДОРИНИ ИРСИЙЛАНИШИ ВА ЎЗГАРУВЧАНЛИГИ

[1]Умирова Л.Ф., [2]Аманов Б.Х.

[1]Самарқанд Давлат ветернария медицинаси, чорвачилик ва биотехнологиялари университети Тошкент филиали;
[2]Чирчиқ Давлат педогогика университети.
e-mail: lobarumirova2014@gmail.com

Ўсимликларда вегетация даврида барглардаги хлорофилл “а”, “б” ва каротиноидлар консентрациясининг ўсиш ва маҳсулдорликка таъсири ўрганилган. Каротиноидлар хлорофиллнинг ёруғлик энергиясини йиғиш қобилиятини оширади ва фотосинтез самарадорлигини яхшилайди.

Ўсимликларда антиоксидант сифатида ишлайди, хлорофиллнинг оксидланишини олдини олади ва ўсимликларни турли зарарли моддалардан ҳимоя қилади, сув стресси ва қуруқлик каби стресс шароитларига чидамлиликни оширади. Ranawake A.L. мош ўсимлигини F_2 дурагайларида хлорофилл миқдорининг ирсийланувчанлик даражасини баҳолаган. Унинг хулосасига кўра, умумий хлорофилл ва хлорофилл а учун кенг маънодаги ирсийланувчанлик кўрсаткичи жуда юқори (h^2=78-84%) бўлиб, унга атроф-муҳитнинг таъсири пастлиги аниқланган. Шу билан биргаликда, ушбу белги бўйича кузатилган юқори генетик силжиш фотосинтетик пигментлар миқдорининг ирсий генотип билан бевосита боғлиқлиги тасдиқланган.

Тадқиқот Чирчиқ давлат педагогика университети Табиий фанлар факультетига қарашли тажриба майдонида олиб борилди. Тадқиқот объекти сифатида *Phaseolus aureus* L. турига мансуб К-2 (Хитой), К-236 Манжурия), К-338 (Хитой), К-413 (Ветнам) К-414 (Ветнам), К-418 (Филлипин), К-489 (Местний Ўзбекистон), К-599 (Ҳиндистон), К-716 (Афғонистон), К-181 (Тайван), К-255 (Ҳиндистон), Турон (Ўзбекистон), Дурдона (Ўзбекистон) нав ва намуналари ҳамда F_1-F_2 дурагайларидан фойдаланилди.

Тажриба учун танлаб олинган бошланғич манбалари ва F_1-F_2 дурагайлари баргидаги хлорофилл “а” миқдори (мг/г) ғунчалаш, гуллаш ва дуккаклаш фазаларида таҳлил қилинди. Бошланғич манбалар (ота-она шакллари) бўйича барча фазаларда энг юқори кўрсаткич К-181 (Тайван) намунасида (ғунчалашда 2.29±0.02, гуллашда 2.62±0.03, дуккаклашда 2.29±0.04) қайд этилди. Шунингдек, К-255 ва К-716 намуналарида ҳам яхши кўрсаткичлар кузатилиб, маҳаллий Турон нави гуллашда (2.15±0.02), Дурдона нави эса дуккаклашда (1.54±0.04) барқарор натижа кўрсатди.

Вариация коэффициенти (V=0.98-6.71\%) шаклларнинг генетик гомозиготалигини тасдиқлади. F_1 ўсимликларида: Гуллаш фазасида кўплаб дурагайларда яққол ижобий гетерозис кузатилди. Хусусан, F_1 К-338 х К-414 (hp=6.5), F_1 К-414 х К-489 (hp=11.5), F_1 Турон х К-413 (hp=11.0) ва F_1 Турон х К-418 (hp=10.0) комбинацияларида ижобий ўта доминантлик қайд этилди. Дуккаклаш фазасида эса рецессив генлар таъсири ортиб, аксарият комбинацияларда, жумладан F_1 Турон х К-418 да (hp=-17.0), салбий ўта доминантлик намоён бўлди**.** F_2 ўсимликларида: Наслдан-наслга ўтиш коэффициенти баҳоланганда, F_2 Турон х К-236 ва F_2 Турон х К-418 комбинацияларининг аксарият фазаларида ирсийланиш жуда юқори (h^2=76-91\%) бўлди. Энг максимал кўрсаткич эса F_2 Турон х К-414 комбинациясининг дуккаклаш фазасида (h^2=94\%) аниқланди.

Phaseolus aureus L. (Vigna radiata). намуналарида хлорофилл “а” миқдори генотип ҳамда ривожланиш фазаларига боғлиқ. Бошланғич шакллардан К-181 намунаси (2.29-2.62 мг/г) ва маҳаллий Турон нави (2.15 мг/г) барқарор юқори кўрсаткичлари билан қимматли селекцион манбадир. F_1 дурагайларининг гуллаш фазасида (F_1 К-414 х К-489, F_1 Турон х К-413 ва ҳ.к.) кучли ижобий ўта доминантлик намоён бўлса, дуккаклаш даврида рецессив генлар таъсири ортиб, салбий гетерозис кузатилади. F_2 авлодида ирсийланиш коэффициентининг юқорилиги (h^2=76-94%) белгининг кучли генетик назоратда эканлигини исботлайди. Бу ҳолат, хусусан F_2 Турон х К-414 комбинациясида, маҳсулдор трансгрессив шаклларни ажратиб олишда юқори селекцион истиқболни тасдиқлайди.

MARKAZIY QIZILQUM *BLAPS* TURLARINI MOLEKULYAR IDENTIFIKATSIYA QILISHDA COI MARKERINING QO‘LLANILISHI

[1]Kamolova M.Z., [2]Xolmatov B.R.

[1]Navoiy davlat universiteti;
[2]O‘zbekiston Respublikasi Fanlar akademiyasi Zoologiya instituti.
e-mail: mahliyokamolovateacher@gmail.com

Qora tanli qo‘ng‘izlar (Coleoptera: Tenebrionidae) cho‘l ekotizimlarida keng tarqalgan hasharotlar bo‘lib, ularning ayrim turlarini tashqi morfologik belgilar asosida aniq ajratish murakkab. Ayniqsa, *Blaps* avlodi vakillarida diagnostik belgilarning o‘zgaruvchanligi morfologik identifikatsiyani molekulyar ma’lumotlar bilan to‘ldirishni talab etadi. Mitoxondrial sitoxrom c oksidaza I subbirligi (COI) geni hayvonlarni DNK-barkoding asosida identifikatsiya qilishda keng qo‘llaniladi. Tadqiqotning maqsadi Markaziy Qizilqumda tarqalgan *Blaps deplanata*, *B. holconata* va *B. titanus* turlarini COI geni asosida molekulyar tavsiflash, nukleotid farqlari va filogenetik munosabatlarini baholashdan iborat.

Namunalar 2023–2025-yillarda Markaziy Qizilqumning asosiy hududlariga uyushtirilgan ekspeditsiyalar davomida yig‘ildi. Yig‘ish nuqtalarining koordinatalari Maps.me ilovasida aniqlandi va ArcGIS Pro dasturida GAT xaritalari tuzildi. Qo‘ng‘izlar asosan qo‘lda, qisman yorug‘lik tutqichi hamda eksgauster yordamida kunduzi, shomda va tunda yig‘ildi. Namunalar morfologik belgilar asosida aniqlanib, molekulyar tahlilgacha 70% li etanolda saqlandi.

Genom DNKsi oyoq va mo‘ylov to‘qimalaridan GeneJET Genomic DNA Purification Kit yordamida ajratildi. COI genining maqsadli fragmenti UEA3 va UEA10 praymerlari bilan polimeraza zanjir reaksiyasida amplifikatsiya qilindi. Dastur 95 °C da 3 daqiqalik boshlang‘ich denaturatsiya, 93 °C da 20 soniya, 52 °C da 30 soniya va 72 °C da 2 daqiqadan iborat 35 sikl hamda 72 °C da 10 daqiqalik yakuniy elongatsiyani qamrab oldi. Mahsulotlar 2% li agarozali gelda tekshirildi,

ABI PRISM BigDye Terminator v3.1 asosida ABI PRISM 3100-Avant sekvenatorida ikki yo‘nalishda sekvenslandi. Xromatogrammalar Chromas v1.45 da tahrirlanib, konsensus ketma-ketliklar shakllantirildi. Filogenetik rekonstruksiya maksimal ehtimollik usulida bajarildi, tarmoqlar barqarorligi 1000 ta ultratezkor bootstrap takrorida baholandi. Qiyosiy tahlilga GenBankdagi *B. lethifera* turining KM447337 referens ketma-ketligi kiritildi.

Uch turdan COI genining 589 juft asos uzunligidagi fragmentlari olindi. Juftlik taqqoslashda *B. deplanata* va *B. holconata* o‘rtasida 12 ta (2,0%), *B. deplanata* va *B. titanus* o‘rtasida 13 ta (2,2%), *B. holconata* va *B. titanus* o‘rtasida 17 ta (2,9%) nukleotid farqi aniqlandi. *B. lethifera* bilan taqqoslanganda tafovut yuqori bo‘lib, *B. deplanata* uchun 109 ta (18,5%) va *B. titanus* uchun 107 ta (18,1%) nukleotid farqi qayd etildi.

Filogenetik tahlilda *B. deplanata, B. holconata, B. titanus* va *B. lethifera* 99% bootstrap ko‘rsatkichi bilan qo‘llab-quvvatlangan kladada birlashdi. Olingan ketma-ketliklar GenBank bazasida PX712921 (*B. holconata*), PX712922 (*B. titanus*) va PX712923 (*B. deplanata*) raqamlari bilan ro‘yxatdan o‘tkazildi. Natijalar COI markerining morfologik jihatdan yaqin turlarni farqlashda qo‘shimcha molekulyar vosita sifatida samarali ekanini ko‘rsatdi. Biroq bitta mitoxondrial marker va cheklangan namunalar barcha evolyutsion munosabatlarni to‘liq ifodalamaydi.

Markaziy Qizilqumda tarqalgan uchta *Blaps* turining 589 juft asosli COI ketma-ketliklari ularni molekulyar darajada o‘zaro farqlash imkonini berdi. Aniqlangan 12–17 ta nukleotid tafovuti va filogenetik guruhlanish COI markeridan morfologik identifikatsiyani to‘ldiruvchi vosita sifatida foydalanish mumkinligini tasdiqlaydi. Natijalarni aniqlashtirish uchun ko‘proq individlar, qo‘shimcha molekulyar markerlar va morfologik belgilarni birgalikda tahlil qilish zarur.

G‘O‘ZA (*G.HIRSUTUM*) DA KRIPTOXROM (*CRY*) GENLARI FUNKSIYASINI RNKi TEXNOLOGIYASI YORDAMIDA TADQIQ ETISH

[1]Juraqulov D.S., [1]Usmanov D.E., [1]Xusanbayeva Sh.R., [1,2].Ergasheva S.I, [1,2]Murodullayeva N.O., [1,2]Nuriddinova M.T., [1]Buriyev Z.T.

[1]O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genomika va bioinformatika markazi;
[2]Mirzo Ulug‘bek nomidagi O‘zbekiston milliy universiteti.
e-mail: juraqulovdurbek@gmail.com

O‘simliklarning o‘sishi va rivojlanishi bevosita yorug‘lik signallarini qabul qiluvchi fotoretseptorlarga bog‘liq. Fotoretseptorlar orasida ko‘k nurga sezgir bo‘lgan kriptoxromlar (*CRY1, CRY2*) alohida ahamiyatga ega. Ushbu genlar o'simlikning sirkad maromlarini boshqarish, fotoperiodizm hamda hujayra bo‘linishi kabi muhim fiziologik jarayonlarni tartibga soladi. G‘o‘za (*Gossypium hirsutum* L.) seleksiyasida ushbu genlarning funksiyasini o‘rganish, o‘simlikning tashqi muhit stresslariga chidamliligini oshirish va gullash muddatlarini optimallashtirish imkonini beradi.

Tadqiqotning asosiy maqsadi RNA-interferensiya (*RNK*i) usuli yordamida g‘o‘zadagi *CRY* genlari faolligini pasaytirish va ushbu o‘zgarishlarning o‘simlik morfofiziologiyasiga ta’sirini o‘rganishdan iborat.

Tadqiqot obyekti sifatida g‘o‘zaning Coker-312 navi tanlab olindi. *CRY* genlari ekspressiyasini bloklash uchun maxsus *RNK*i-vektor konstruksiyasi tuzildi. Transformatsiya jarayoni *Agrobacterium tumefaciens* ning *LBA4404* shtammi yordamida, somatik embriogenez va regeneratsiya metodikasiga asoslangan holda amalga oshirildi.

Olib borilgan tajribalar natijasida quyidagilar aniqlandi: Seleksiya: Kanamitsin antibiotigi bo‘lgan ozuqa muhitida *RNK*i-konstruksiyasini o‘zida saqlagan barqaror kallus to‘qimalari olindi. Morfogenez: Ushbu kalluslarda differensiyalanish jarayoni kuzatildi va dastlabki embrioidlar shakllandi.

Genlarning roli: Adabiyotlar tahliliga ko‘ra, *CRY1* kuchli yorug‘likda o‘sishni nazorat qilsa, *CRY2* past yorug‘likda sirkadian ritmlarni boshqaradi. *CRY3* asosan xloroplast va mitoxondriyalardagi energetik almashinuvga javob beradi.

Tadqiqotning keyingi bosqichlarida embrioidlardan in vitro sharoitida T_0 avlod transgen o‘simliklarini olish rejalashtirilgan. *CRY1* va *CRY2* genlarining susaytirishi natijasida g‘o‘zaning yorug‘likka bo‘lgan fotoreaksiyasi va sirkad soatlarida sezilarli o‘zgarishlar yuzaga kelishi kutilmoqda. Yakuniy bosqichda regenerant o‘simliklar tuproq sharoitiga moslashtiriladi va ularning genetik barqarorligi molekulyar tahlillar yordamida tasdiqlanadi.

G‘O‘ZA NAVLARINING SHO‘RGA CHIDAMLILIGINI PROLIN AMINOKISLOTASI ASOSIDA BAHOLASH

[1]Kadirova Sh.B., [1]Rahmatova N.R., [1]Imamxodjayeva A.S., [2]Yakubov M.M.

[1]O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi, Genomika va bioinformatika markazi;
[2]PSUYAITI Xorazm ilmiy-tajriba stansiyasi.
e-mail: shaxnoza230988@gmail.com

Yer yuzida qishloq xo‘jaligi mahsulotlari yetishtirishga to‘sqinlik qilayotgan eng muhim abiotik stress omillaridan biri bu sho‘r stress hisoblanadi. Sho‘r stress o‘simlik hujayralarining suv yutilishini cheklaydi, ion muvozanatini buzadi hamda oksidlovchi stressni kuchaytiradi. Natijada o‘simliklarning o‘sish sur’ati pasayadi, fotosintez faoliyati kamayadi va hosildorlik keskin tushadi. G‘o‘za - bu tola uchun yetishtiriladigan ekin turi bo‘lib, qisman sho‘rga chidamli hisoblanadi. Biroq kuchli sho’rlanish sharoitida u ham salbiy fiziologik o‘zgarishlarga uchraydi. Sho‘r stress sharoitida g‘o‘zaning moslashuvi hujayra darajasidagi himoya mexanizmlariga bog‘liq. Ularning eng muhimlaridan biri – prolin kabi erkin aminokislotalarning to‘planishidir.

Prolin – bu geterosiklik aminokislota bo’lib, uning tarkibi stress ta’sirida ko’p miqdorda ko’payadi. Prolinning to’planishi o’simliklarda stress sharoitlarga moslashishga yordam beradi, oqsillarni, DNKni, bir qator fermentlarni va boshqa hujayra tarkibiy qismlarini inaktivatsiyadan himoya qiladi. Stress ostida o’simliklarning turli organlarida erkin prolin tarkibining sezilarli darajada oshishi ko’plab tadqiqotlarda o’simliklar himoya reaksiyalarida biokimyoviy ko’rsatgich sifatida takidlab o’tilgan.

Ushbu tadqiqotimizda laboratoriya sharoitida g‘o‘zaning *Gossypium hirsutum L.* turiga mansub Porloq-1, Ravnaq-1, Buxoro-102, Sulton, C-4727 va Ishonch navlarini sho‘r steressiga bardoshliligini aniqlash maqsadida nihollik davrida oddiy sharoitda va NaCl tuzining 50mM, 100mM, 150mM va 200mM konsentratsiyali eritmalari bilan sug‘orib borish natijasida barglardagi prolin aminakislotasining miqdori tahlil qilindi.

Tajribalar har bir nav bo’yicha 3 ta takror 5 ta variantda tuvakchalarda steril nam qumga ekildi, nazorat varyant va NaCl tuzining 50mM, 100mM, 150mM va 200mM konsentratsiyali eritmalari bilan sug’orib borildi. Urug’lar unib chiqqandan so’ng nihollik davrining 21 - kunida har bir navning variantlari bo’yicha barglardan namunalar olinib, P. Carillo va Y. Gibon metodikasida prolin miqdori aniqlandi.

Natijasida nazorat variantida barcha navlarda prolin miqdori nisbatan past bo‘lib, fiziologik holatni aks ettirdi. Bu sharoitda navlar orasida prolin miqdori farqi minimal bo‘lib, navlar orasida farqlar kuzatildi. Bu esa stress omili bo‘lmagan sharoitda prolin miqdorining turlicha bo’lishi navlar orasidagi genetik va fiziologik farqlar prolinning asosiy holatda ham turlicha miqdorda bo‘lishi bilan izohlanadi.

Olib borilgan tadqiqotlar natijasida Porloq-1, Ravnaq-1, Buxoro-102 hamda C-4727 navlarida prolin aminakislotasining to‘planishi yuqori darajada namoyon bo‘lishini ko‘rsatdi. Ushbu navlarni stress sharoitida chidamli nav sifatida tavsiflash mumkin. Sulton navining kuchli osmoregulyatsiya mexanizmlariga

egaligini va sho‘r stressga o’rtacha chidamli genotip sifatida ajralib turishi namoyon bo’ldi. Ishonch navida stressga chidamlilik salohiyati mavjud bo‘lsada, barqaror emasligini, hamda kuchli sho‘r sharoitda moslashuv mexanizmlari boshqa navlarga nisbatan kamroq to’planganligi aniqlandi.

Prolin aminakislotasi miqdorini aniqlash orqali stress darajasini baholashda indikator sifatida qo‘llanilishi hamda g‘o‘za navlarining sho‘rga chidamlilik darajasini aniqlashda biokimyoviy marker sifatida foydalanish ilmiy asos bo‘lib xizmat qiladi.

QASHQADARYO VESPIDAFAUNASI *VESPA CRABRO* (LINNAEUS, 1758)TURINING MOLEKULYAR - GENETIK TAHLILI

Yuldosheva J.X.
Qarshi Davlat universiteti.
e-mail: yuldoshevajamila50@gmail.com;

Qashqadaryo hududida olib borilgan entomologik tadqiqotlar davomida *Vespa* Linnaeus, 1758 avlodiga mansub *Vespa crabro* va turi aniqlandi. Molekulyar-genetik tadqiqotlar uchun zarur bo‘lgan biomaterial sifatida Qashqadaryo viloyati Kasbi tumani Qoratepa qishlog‘i atroflaridan 6 donadan terib olinib, 70% li etanol eritmasida fiksatsiyalangan *Vespa crabro* turidan foydalanildi. Turlarning taksonomik mansubligi asosan erkak individlarining morfologiyasi va morfometriyasi asosida aniqlandi. Molekulyar-genetik tadqiqotlar uchun *Vespa crabro* turi idividlarini oyoq va mo‘ylovlaridan foydalanib, DNK ajratib olindi. Ushbu o‘tkazilgan molekulyar-genetik tadqiqotlar natijasi (sikvens xromatografiyasi) asosida *Vespa* Linnaeus, 1758 avlodiga ma’nsub *V. crabro.* turining mtDNK sini COI sohasiga mansub uzunligi 623 juft asosga ega bo‘lgan nukleotidlari ketma ketligi ajratib olindi hamda ushbu turni solishtirib o‘rganish maqsadida xalqaro bioinformatik axborotlar markizidan olingan *V. crabro* (kirish raqami: MT444756) turidan foydalanildi. Jumladan, molekulyar - genetik tadqiqot

natijalariga ko‘ra, *V_crabro*_Uzb turining 162 chi nukleotidida G-guanin nukleotidi almashganligi aniqlandi. *V_crabro*_Uzb turining 10, 441 va 555 chi nukleotidlarida S-sitozin nukleotidlarda *V_crabro*_Uzb turining nukleotidida T-timin, nukleotidda *V_crabro*_Uzb turining nukleotidida G-guanin, *V_crabro*_Uzb turining nukleotidida T-timin, 225, 240, 297 va 360 chi nukleotidlarda *V_crabro*_Uzb turining nukleotidida A-adenin, 457 chi nukleotidda *V_crabro*_Uzb turining nukleotidida T-timin, 468 chi nukleotidida *V_crabro*_Uzb turining nukleotidiga almashganligi qayt etildi. *V_crabro*_Uzb turining 10, 282, 442 va 555 chi nukleotidlarida S-sitozin, nukleotidlarda *V_crabro*_Uzb turining nukleotidida T-timin, 162 chi nukleotidda *V_crabro*_Uzb turining nukleotidida G-guanin, 219 chi nukleotidida *V_crabro*_Uzb turining nukleotidida T-timin, *V_crabro*_Uzb turining nukleotidida A-adenin, 468 chi nukleotidida *V_crabro*_Uzb turining nukleotidida S-sitozin, *V_crabro*_MT444756 turining nukleotidlarida T-timin, 39, 108, 114, 207, 297, 342, 381 va 552 chi nukleotidlarda, *V_crabro*_MT444756 turining nukleotidlarida esa S-sitozin, 219 chi nukleotidida, *V_crabro*_MT444756 turining nukleotidida A-adenin, 225, 240 va 360 chi nukleotidlarda, *V_crabro*_MT444756 turining nukleotidlarida esa T-timin, *V_crabro*_MT444756 turining nukleotidida esa G-guanin, 468 chi nukleotidida, *V_crabro*_MT444756 turining nukleotidida A-adeninga almashganligi aniqlandi. Olib borilgan tadqiqot natijalariga ko‘ra, *Vespa* avlodiga ma’nsub *V_crabro*_Uzb turi hamda NCBI bazasidan olingan *V_crabro*_MT444756, turi mtDNK sini COI sohasiga mansub nukleotidlar ketma-ketligi solishtirilib o‘rganilib, *V_crabro*_Uzb turi bilan *V_crabro*_MT444756 namunasi o‘rtasida 1 ta nukleotidda farqlanish bo‘lib, bu farqlanish umumiy nukleotidlarning 0,2% ni tashkil etishi qayd etildi. Olingan natijalarga ko‘ra, Qashqadaryo viloyati hududidan yig‘ilgan materiallar asosida *Vespa* Linnaeus, 1758 avlodiga mansub tur - *Vespa crabro* taksonomik va molekulyar-genetik jihatdan tasdiqlandi.

G‘O‘ZA TIZMALARINING HOSILDORLIK TAHLILI

Karimova N.A.

Andijon davlat pedagogika instituti.
e-mail: knazokat90@gmail.com

G‘o‘za respublikamizning asosiy qishloq xo‘jalik ekini hisoblanadi. Seleksiya ishlarining oldida turgan maqsadlaridan biri yangi yuqori hosilli va sifatli tizmalarni yaratish ustuvor vazifalaridan bo‘lib kelmoqda. Shu sababdan yangi yaratilga g‘o‘za tizmalari biologik va xo‘jalik jihatdan baholash, ularning hosildorlik ko‘rsatkichlarini aniqlash shu bilan birga seleksiya uchun qimmatli namunalarni saralab olish muhim ilmiy-amaliy ahamiyatga egadir.

Mazkur tadqiqotning maqsadi yangi yaratilgan g‘o‘za tizmalarining hosildorlik ko‘rsatkichlarini o‘rganish hamda seleksiya ishlarida foydalanish mumkin bo‘lgan istiqbolli tizmalarni aniqlashdan iboratdir. Tadqiqot dala tajribasida olib borilib, Andijon viloyati Baliqchi tumani hududida olib borildi. Kuzatuvlar davomida tizmalarning ko‘saklar soni, ko‘sak vazni, hamda tola xususiyatlari o‘rganilib tahlil qilindi. Sinov tajribasida 7 ta tizmadan foydalanildi, bular; T – 5 (55), T – 981/2, T – 7 (7.3.2018), T – 20 (T-523), T – 2 (B2), T – 98, T – 523, T – 38 namunalaridir. Tajriba davomida tizmalar dala sharoitida ekilib, o‘sishi va rivojlanishi muntazam kuzatib borildi. Tanlab olingan tizmalar o‘rtasida sun’iy chatishtirish ishlari amalga oshirildi hamda hosil elementlarining shakillanishi nazorat qilindi. Vegetatsiya davri yakunlangandan so‘ng har bir tizmadan olingan hosil yig‘ib olindi va lobaratoriya sharoitida xo‘jalik jihatidan qimmatli belgilar tahlil qilindi. Jumladan, ko‘sak og‘irligi, chigit tugush foizi, tola chiqimi hamda tola uzunligi kabi muhim ko‘rsatkichlar aniqlanib natijalar o‘zaro taqqoslandi.

To‘plangan ma’lumotlarga ko‘ra g‘o‘za tizmalarining asosiy xo‘jalik uchun qimmatli belgilari tahlil qilindi. Natijalarga ko‘ra, T-20(523) tizmasida ko‘sak yirikligi 8,0–9,0 g bo‘lib, o‘rgnilgan namunalar orasida eng yuqori ko‘rsatkich deb qayt etildi. Ko‘saklar soni bo‘yicha T-523 tizmasida 62 tadan 90 tagacha ko‘sak hosil bo‘lishi kuzatildi. To‘liq chigitlar soni bo‘yicha T-98 tizmasida 41 tadan 48 tagacha chigit shakllangani aniqlandi. Tola chiqimi bo‘yicha T-98 va T-38 tizmalari 42,8 % natija bilan o‘rganilgan tizmalar orasida yuqori ko‘rsatkichni qayd etdi. Tola uzunligi bo‘yicha esa T-5(55) tizmasida 40 mm dan 42 mm gacha uzunlik kuzatilib, mazkur tizma eng uzun tolali tizma sifatida ajralib turdi. Olingan natijalar ushbu tizmalarni seleksiya ishlarida istiqbolli boshlang‘ich material sifatida tavsiya etish imkonini beradi.

Bundan tashqari, tajriba davomida istiqbolli g‘o‘za tizmalari o‘zaro chatishtirildi. Bunda T-7(7.3.2018) Ч T-20(523), T-2(B2) Ч T-981, T-523 Ч T-38 hamda T-981/2 Ч T-(55) kombinatsiyalari yaratildi. Olingan duragay kombinatsiyalarining xo‘jalik uchun qimmatli belgilari qiyosiy tahlil qilindi. Tadqiqot natijalariga ko‘ra, ko‘sak vazni bo‘yicha eng yuqori ko‘rsatkich T-7(7.3.2018) Ч T-20(523) duragayida kuzatilib, o‘rtacha 7,0 g ni tashkil etdi. To‘liq chigitlar soni bo‘yicha T-2(B2) Ч T-981 kombinatsiyasi ustunlik ko‘rsatib, bu belgi 38 tadan 40 tagacha o‘zgardi. Tola uzunligi bo‘yicha eng yaxshi natija T-7(7.3.2018) Ч T-20(523) duragayida qayd etilib, 38 mm dan 41 mm gacha yetdi. Tola chiqimi bo‘yicha esa T-523 Ч T-38 kombinatsiyasi yuqori natija ko‘rsatib, ushbu ko‘rsatkich 42,8 % dan 50,0 % gacha oshgani aniqlandi.

O‘rganilgan g‘o‘za tizmalari va ular asosida yaratilgan duragay kombinatsiyalari xo‘jalik uchun qimmatli belgilar bo‘yicha o‘zaro farq qilishi aniqlandi. T-20(523), T-98, T-38 va T-5(55) tizmalari hamda T-7(7.3.2018) Ч T-20(523), T-2(B2) Ч T-981 va T-523 Ч T-38 duragay kombinatsiyalari ko‘sak vazni, to‘liq chigitlar soni, tola uzunligi va tola chiqimi bo‘yicha istiqbolli natijalarni

namoyon etdi. Tizma va duragay kombinatsiyalarini keyingi seleksiya bosqichlarida o‘rganishni davom ettirish hamda yangi yuqori hosildor va sifatli g‘o‘za navlarini yaratishda boshlang‘ich material sifatida foydalanish maqsadga muvofiq hisoblanadi.

MAHALLIY G‘O‘ZA (*GOSSYPIUM HIRSUTUM* L.) NAVLARINING QURG‘OQCHILIKKA CHIDAMLILIK BELGILARINI SSR MARKERLAR ASOSIDA ASSOTSIATSION XARITALASH

[1]Makamov A.X., [1]Xusenov N.N., [1]Yuldoshxonov A.A., [1]Norbekov J.K., [1]Normamatov I.S., [1]Boyqobilov U.A., [1]Xolmuradova M.M., [1]Mamanazarov Sh.I., [1]Muxammadaliyev R.I., [2]Shavqiyev J.SH., [1]Buriev Z.T.

[1]O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genomika va bioinformatika markazi;
[2]O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genetika va o’simliklar eksperimental biologiyasi instituti.
e-mail: amakamov@gmail.com

Qurg‘oqchilik g‘o‘za (*Gossypium hirsutum* L.) yetishtirishda hosildorlik va tola sifatini cheklovchi eng muhim abiotik stress omillaridan biri hisoblanadi. Mamlakatimiz qishloq xo‘jaligi ekinlarini sug'orishda foydalanadigan suv resurslarining katta qismi transchegaraviy manbalarga to‘g‘ri kelishi hamda mintaqada suv tanqisligi xavfining ortib borishi qurg‘oqchilikka chidamli navlarni yaratish dolzarb ekanligini ko'rsatadi. Shu sababli suv tanqisligiga chidamlilikni belgilovchi muhim fiziologik va agronomik belgilar bilan bog‘liq SSR markerlarni aniqlash va ularni marker-assoslangan seleksiya (MAS) dasturlariga joriy etish orqali hosildor hamda qurg‘oqchilikka chidamli yangi g‘o‘za navlarini yaratishda muhim ilmiy va amaliy ahamiyat kasb etadi.

So‘nggi yillarda dunyoda SSR va SNP markerlari yordamida assotsiatsion xaritalash tadqiqotlari olib borilib, qurg‘oqchilikka chidamlilikda muhim bo‘gan belgilar bog‘liq bo‘lgan bir nechta DNK markerlari aniqlangan. O‘zbekistonda ham

mahalliy g‘o‘za navlari va seleksiya materiallarining genetik xilma-xilligini o‘rganish hamda qimmatli xo‘jalik belgilariga bog‘liq molekulyar markerlarni aniqlash bo‘yicha tadqiqotlar olib borilayotgan bo‘lsa-da, qurg‘oqchilikka chidamlilikning fiziologik belgilarini SSR markerlar asosida assotsiatsion xaritalash bo‘yicha tadqiqotlar hali yetarli darajada emas. Shuni inobatga olib, mahalliy g‘o‘za navlarida qurg‘oqchikka chidamlilikda muhim bo‘lgan fiziologik va agronomik belgilarni SSR markerlar yordamida tadqiq etib, stressga chidamlilikda muhim bo’lgan belgilarga aloqador DNK markerlarni aniqlash mazkur tadqiqotni maqsadi etib belgilandi.

Tadqiqot obyekti sifatida 96 ta mahalliy g‘o‘za (*Gossypium hirsutum* L.) navlari tanlab olinib, ular Genomika va bioinformatika markazi tajriba xo‘jaligida optimal (1–2–1) hamda suv tanqisligi (0–1–0) sug‘orish rejimlarida yetishtirildi. Tadqiqot davomida navlarning qurg‘oqchilikka chidamliligini tavsiflovchi fiziologik va agronomik belgilar fenotipik baholandi, shuningdek, 65 ta SSR marker yordamida genotipik tahlil amalga oshirildi. Olingan fenotipik va genotipik ma'lumotlar asosida PLINK dasturi yordamida marker–belgi assotsiatsiyalarini aniqlash maqsadida assotsiatsion xaritalash tahlili o'tkazildi.

Assotsiatsion xaritalash natijasida qurg‘oqchilikka chidamlilik bilan bog‘liq fiziologik belgilar uchun jami 27 ta ishonchli marker–belgi assotsiatsiyasi aniqlandi. ELWL belgisi bo‘yicha eng kuchli assotsiatsiyalar A08 xromosomasidagi BNL-3474_195 (R^2 = 0.3811; P = 2.109 × 10^{-11}) hamda A12 xromosomasidagi TMB_0799_208 (R^2 = 0.3434; P = 3.551 × 10^{-10}) markerlari bilan qayd etildi. RWC belgisi uchun eng yuqori assotsiatsiya A12 xromosomasidagi TMB_0799_208 markeri bilan aniqlanib (R^2 = 0.3260; P = 1.251 × 10^{-9}), undan keyingi ishonchli assotsiatsiyalar NAU-4905_211 (R^2 = 0.2645; P = 8.331 × 10^{-8}) hamda BNL-3474_195 (R^2 = 0.2541; P = 1.647 × 10^{-7}) markerlari bilan kuzatildi. Transpiratsiya tezligi (Tr) belgisi bo‘yicha ham eng kuchli

assotsiatsiyalar BNL-3474_195 (R^2 = 0.3891; P = 1.131 × 10^{-11}) va TMB_0799_208 (R^2 = 0.3419; P = 3.956 × 10^{-10}) markerlari bilan aniqlandi. Xlorofill miqdori bo‘yicha esa A10 xromosomasidagi BNL-2449_156 markeri ishonchli assotsiatsiyani namoyon etdi (R^2 = 0.1598; P = 5.448 × 10^{-5}).

Xulosa qilib aytganda, A08 xromosomasidagi BNL-3474_195 hamda A12 xromosomasidagi TMB_0799_208 markerlari ELWL, RWC va transpiratsiya jadalligi belgilari bilan ishonchli assotsiatsiya namoyon etdi. Ushbu markerlar markerlarga asoslangan seleksiya (MAS) dasturlarida qurg‘oqchilikka chidamli g‘o‘za navlarini yaratishda samarali molekulyar markerlar sifatida qo‘llanishi mumkin.

G‘O‘ZA (*GOSSYPIUM HIRSUTUM* L.) GENOTIPLARINING QURG‘OQCHILIKKA CHIDAMLILIGINI FIZIOLOGIK VA AGRONOMIK BELGILAR ASOSIDA KOMPLEKS BAHOLASH

[1]Makamov A.X., [1]Norbekov J.K., [1]Normamatov I.S., [1]Boyqobilov U.A., [2]Shavqiyev J.SH., [1]Buriev Z.T.

[1]O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genomika va bioinformatika markazi;
[2]O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genetika va o’simliklar eksperimental biologiyasi instituti.
e-mail: amakamov@gmail.com

Qurg‘oqchilik g‘o‘za (*Gossypium hirsutum* L.) yetishtirishda hosildorlik va tola sifatini cheklovchi asosiy abiotik stress omillaridan biri hisoblanadi. Iqlim o‘zgarishi oqibatida suv resurslari tanqisligining ortib borishi qurg‘oqchilikka chidamli va yuqori hosildor genotiplarni yaratishga qaratilgan seleksiya dasturlarini takomillashtirishni talab etmoqda. Bunday sharoitda genotiplarni fiziologik va agronomik belgilar majmuasi asosida kompleks baholash qurg‘oqchilikka chidamli istiqbolli genotiplarni ishonchli tanlash hamda seleksiya jarayonining samaradorligini oshirishning muhim ilmiy asosi hisoblanadi.

Mazkur tadqiqotda *Gossypium hirsutum* g‘o‘za turiga mansub 95 ta mahalliy navlar tadqiqot ob’yekti sifatida tanlab olinib, ularda fiziologik va agronomik belgilar optimal sug‘orish va suv tanqisligi sharoitlarida tadqiq qilingan. Tajribalar Genomika va bioinformatika markazining tajriba maydonida olib borildi. Tadqiqot namunalarida barglarning nisbiy suv miqdori (RWC), kesib olingan barglarning suv yo‘qotish darajasi (ELWL), xlorofill miqdori (SPAD), transpiratsiya tezligi, bitta ko‘sakdagi paxta vazni, mahsuldorlik hamda yalpi hosildorlik kabi ko’rsatkichlar tahlil qilindi. Olingan ma’lumotlar Pearson korrelyatsiya tahlili, asosiy komponentlar tahlili (PCA), qurg‘oqchilikka chidamlilik indekslari (DTI) hamda ko‘p belgilar bo‘yicha genotipning ideotipga yaqinlik indeksi (MGIDI - Multi-Trait Genotype–Ideotype Distance Index) yordamida kompleks baholandi.

Natijalar shuni ko‘rsatdiki, qurg‘oqchilik stressi o‘simliklarning fiziologik holati va hosildorligiga sezilarli salbiy ta’sir ko‘rsatdi. Xususan, mahsuldorlik va paxta hosildorligi ko‘rsatkichlari suv tanqisligi sharoitida optimal sharoitga nisbatan mos ravishda o‘rtacha 51,0 va 50,7 % ga kamaydi. Shu bilan birga, barglarning nisbiy suv miqdori (RWC) ham sezilarli darajada pasayib, o‘simliklarning suv balansini saqlash qobiliyati susayganligi qayd etildi. Ayrim fiziologik va agronomik belgilar bo‘yicha kuzatilgan yuqori fenotipik o‘zgaruvchanlik esa genotiplar orasida qurg‘oqchilikka moslashuv darajasi turlicha ekanligini hamda qurg‘oqchilikka chidamlilik bo‘yicha muhim genetik farqlar mavjudligini tasdiqladi.

Korrelyatsion tahlil natijalari barglarning nisbiy suv miqdori (RWC) o‘simlikning suv rejimi va membrana barqarorligini tavsiflovchi belgilar bilan kuchli ijobiy bog‘liqlikka ega ekanligini ko‘rsatdi. Bitta ko‘sakdagi paxta vazni ko‘rsatkichi mahsuldorlik va yalpi paxta hosildorligi bilan yuqori musbat korrelyatsiya namoyon etgan bo‘lsa, SPAD ko‘rsatkichining hosildorlik belgilariga ta’siri nisbatan past ekanligi aniqlandi.

Mazkur natijalar qurg‘oqchilikka chidamlilikni ishonchli baholashda alohida bitta fiziologik ko‘rsatkichga emas, balki bir-biri bilan o‘zaro bog‘liq bo‘lgan fiziologik va agronomik belgilar majmuasiga tayanish zarurligini ko‘rsatdi. Asosiy komponentlar tahlili (PCA) genotiplarni qurg‘oqchilik stressiga javob reaksiyasi bo‘yicha samarali guruhlarga ajratish imkonini berdi hamda suv rejimi bilan bog‘liq fiziologik belgilar umumiy fenotipik o‘zgaruvchanlikning asosiy qismini shakllantirishini tasdiqladi. Drought Tolerance Index (DTI) natijalariga ko‘ra, Pr_6, Pr_4, Pr_7, Pr_5, C_4727, Ravnaq_1 va Ravnaq_2 genotiplari qurg‘oqchilikka eng chidamli namunalar sifatida ajralib chiqdi. O‘z navbatida, MGIDI tahlili SP_03, T_398/07, CP_2530, Polvon va T_244_45/07 genotiplarini baholangan barcha fiziologik va agronomik belgilar majmuasi bo‘yicha ideotipga eng yaqin genotiplar sifatida aniqladi.

Umuman olganda, fiziologik ko‘rsatkichlar, qurg‘oqchilikka chidamlilik indekslari hamda ko‘p o‘lchovli statistik tahlillarni birgalikda qo‘llash g‘o‘za genotiplarini kompleks va ishonchli baholash imkonini berdi. Ayniqsa, barglarning nisbiy suv miqdori (RWC), bitta ko‘sakdagi paxta vazni va hosildorlik qurg‘oqchilikka chidamlilikni tavsiflovchi eng muhim indikator belgilar ekanligi aniqlandi.

Tadqiqot davomida aniqlangan istiqbolli genotiplar qurg‘oqchilikka chidamli va yuqori hosildor yangi g‘o‘za navlarini yaratishga qaratilgan seleksiya dasturlari uchun qimmatli boshlang‘ich genetik material sifatida xizmat qilishi mumkin. Shuningdek, tadqiqotda foydalanilgan kompleks baholash usuli suv tanqisligi sharoitida seleksiya samaradorligini oshirish hamda iqlim o‘zgarishi sharoitlariga moslashgan yangi g‘o‘za navlarini yaratish uchun muhim ilmiy-uslubiy asos bo‘lib xizmat qiladi.

TURLI KONSENTRATSIYALARDAGI NaCl STRESSI TA’SIRIDA MAHALLIY G‘O‘ZA NAMUNALARINING NIHOLLIK DAVRIDAGI MORFOLOGIK BELGILARINI BAHOLASH

Mamajanov A.B., Darmanov M.M., Normamatov I.S., Xusenov N.N., Muxammadaliyev R.I.

O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genomika va bioinformatika markazi.
e-mail: akramjon2327@gmail.com

Dunyo bo‘ylab keng tarqalgan abiotik omillar, xususan, tuproq sho‘rlanishi, yuqori harorat va qurg‘oqchilik kabi stresslar qishloq xo‘jalik ekinlariga salbiy ta’siri natijasida sezilarli darajada hosildorligi kamaymoqda. Ko‘plab ilmiy tadqiqotlar natijalariga ko‘ra, jahon miqyosida umumiy sug‘oriladigan ekin maydonlarining taxminan 800 million gektari turli darajadagi tuz stressi sharoitida ekanligi keltirib o‘tilgan.

Gossypium hirsutum L. butun dunyoda keng tarqalgan g‘o‘za turlaridan biri bo‘lib, uning tolasi va moyi qishloq xo‘jaligi hamda sanoat uchun muhim xomashyo manbai hisoblanadi. Hozirgi kunda global paxta xomashyosi ishlab chiqarish va qayta ishlashda *G. hirsutum* L. turi (taxminan 90-95%) ustunlik qiladi. G‘o‘za urug‘ining unib chiqishining dastlabki bosqichi tuproq sho‘rlanishiga ayniqsa sezgir bo‘lib, nihollik davridagi yosh o‘simliklar yetuk o‘simliklarga nisbatan tuz stressiga yuqori sezgirlikni namoyon etadi.

Ushbu tajriba, mahalliy g‘o‘za (*Gossypium hirsutum* L.) nav va nav namunlarida, 2024–2025-yillarda O‘zbekiston Fanlar akademiyasi Genomika va bioinformatika markazida laboratoriya sharoitida o‘tkazildi. Tajribada Ravnaq-1, Ravnaq-2, L-2022, GenBio-4, Zangi Ota, Baraka, Guliston, Hapicala-19, Ishonch, An-Boyovut-2, C-8290 va C-8296 g‘o‘za namunalarini laboratoriya modelida turli konsentratsiyalardagi (Nazorat, 100 mM, 150 mM, 200 mM) NaCl stressi ta’sirida muhim bo‘lgan fenotipik belgilari baholandi. Tadqiqot nazorat qilinadigan

fitotronda, kun/tun harorati (30±5 °C / 25±5 °C) hamda yorug‘lik rejimi (14 soat yorug‘lik, 10 soat qorong‘ilik) ostida olib borildi. G‘o‘za navlari urug‘lari sterilizatsiya qilingan tuproq aralashmasi (60% tuproq va 40% qum)da plastik tuvak idishlarga 3 takrorda ekildi. Tadqiqot namunalarining dastlabi nihollik davridagi fenotipik belgilari sho‘rlanish stressi sharoitlariga turlicha o‘zgarganligi aniqlandi. Natijalar shuni ko‘rsatdiki, 200 mM NaCl konsentratsiyasi deyarli barcha g‘o‘za fenotipik belgilariga sezilarli darajada salbiy ta’sir ko‘rsatdi. Jumladan, ho‘l biomassa va poya uzunligi ko‘rsatkichlari nazorat variantiga nisbatan mos ravishda taxminan 50% va 29% ga kamaygan. Quruq ildiz vazni va ildiz uzunligi esa tuz stressi sharoitida nisbatan yuqori barqarorlikni namoyon etib, o‘simlikning hayotiy funksiyalarini saqlab qolishda muhim rol o‘ynashi aniqlandi. Shuningdek, o‘rganilgan belgilar o‘rtasida Pearson korrelyatsiya tahlili natijalari o‘simlik uzunlik belgisi ildiz uzunligiga ($r = 0.82$, $p<0.001$) hamda ildiz vazniga ($r = 0.73$, $p<0.001$) uzunligi o‘rtasida tuz stressi sharoitida yuqori darajadagi ijobiy bog‘liqlik mavjudligini ko‘rsatdi. Bundan tashqari, ushbu tadqiqot doirasida tuz stressiga chidamli va sezgir g‘o‘za genotiplari asosida molekulyar tahlillar yordamida backcross liniyalari yaratildi.

G’O’ZANING (*Gossypium hirsutum* L) SynHY5 VA ANDIJON-35 DURGAY LINIYALARIDA TOLA SIFAT KO’RSATKICHLARINI BAHOLASH

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

O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genomika va bioinformatika markazi.
e-mail: mamajonovbexzod@gmail.com

Bugungi kunda paxta tolasi global to‘qimachilik sanoatida muhim tabiiy xomashyolaridan biri hisoblanadi. Tolaning sifat ko’rsatkichlari orqali undan tayyorlangan mahsulotning sifatlilik darajasi, texnologik va ekspluatatsion

xususiyatlarini, jumladan mustahkamligi, elastikligi, yumshoqligi hamda tashqi ko‘rinishini belgilaydi. Shu sababli bugungi kunda paxta tolasining sifat ko‘rsatkichlarini chuqur o‘rganish hamda ularni sifat ko’rsatkichlarini yaxshilashga qaratilgan ilmiy tadqiqotlarga alohida etibor qaratilmoqda.

Paxta tolasining sifat ko‘rsatkichlari yahshi bo’lishi o‘simlikning genetik xususiyatlari bog’liq bo’lishi bilan bir qatorda tashqi muhit omillari ta’siriga ham uzviy aloqador. Iqlim sharoiti, tuproqning unumdorligi, sug‘orish rejimi, o‘g‘itlash darajasi hamda agrotexnik tadbirlarning sifatlikgi paxta tolasining sifatli shakillanishiga bevosita ta’sir ko‘rsatadi. Bundan tashqari tolaning sifatlilik darajasiga o‘simlikda kechadigan fiziologik va molekulyar jarayonlarning faolligi ham tola sifatining shakllanishida muhim rol o‘ynaydi. Tolaning sifatlilik darajasi qator muhim ko’rsatkichlar orqali baholanadi. Ular qatoriga tola uzunligi (UHM), mustahkamligi (STR), mikroner ko‘rsatkichlari (MIC), (tolaning ingichkaligi va yetilganlik darajasi), bir xillik indeksi (UI), cho‘ziluvchanlik (ELO), yorug‘lik aks ettirish qobiliyati (Rd), va sarg‘ishlik darajasi (+b) kabi ko‘rsatkichlar kiradi. Mazkur ko’rsatkichlar nafaqat tolaning fizik-mexanik xususiyatlarini, balki uning sanoatda qayta ishlanish samaradorligini ham belgilaydi. Ayniqsa, yuqori sifatli ip ishlab chiqarishda uzun, bir xil va mustahkam ko’rsatkichlari sifatli tolalarga talab katta.

Bizning tadqiqotlarimizda ham yuqoridagi tola sifat ko’rsatkichlarini yahshilash bo’yicha qator ilmiy izlanishlar olib borilmoqda. Xususan, g’o’zaning HY5 geniga RNAi tehnologiyasi qo’llash asosida olingan RNAi SynHY5 liniyalari olndi. Bu liniyalar maxalliy nav Andijon-35 navi bilan duragaylash ishlarti amalga oshirildi. Natijada SynHY5 x Andijon-35 duragaylari olindi. Yangi SynHY5 x Andijon-35 duragaylarini tola sifati ko’rsatkichlarida qanchalik o’zgarishlar sodir bo’lganligini kuzatish maqsadida duragaylarni F2 avlodlaridan yig’ib tolalar davlat sifat nazorat markazida tola sifat analiz tekshiruvlardan o’tqazildi. Olingan natijalar

asosida SynHY5 x Andijon-35 duragay liniyalarning tola sifat ko’rsatkichlari, Andijon-35 navining tola sifat ko’rsatkichlaridan farqli holatlari kuzatilganligi aniqlandi. Umumiy natijalar shuni ko‘rsatadiki, SynHY5 × And-35 duragay liniyasi ayrim ko‘rsatkichlar (mikroner, mustahkamligi cho‘ziluvchanlik, yorqinlik) bo‘yicha ijobiy natijalarni namoyon etgan bo‘lsa-da, ayrim sifat ko’rsatkichlar bo’yicha esa biroz sustlashgan holatlar aniqlandi. Bu esa duragayning ayrim sifat jihatlarini yaxshilash uchun qo‘shimcha seleksiya ishlarini olib borish zarurligini ko‘rsatadi.

Yuqorida keltirligan duragay va nazorat liniyalar o’rtasidagi farqlar duragay liniyalarning genetik xususiyatlari yaniy HY5 gening faolligi susaytirilishi o’simlik genomida tola sifat ko’rsatkichlariga javobgar genlarning faollashuvi bilan bir qatorda, ularning tashqi muhit omillariga nisbatan chidamlilik hususiyatni ortishiga ham o’z ta’sirini o’tkazganligidan darak beradi. Hozirgi kunda paxta tolasi sifat ayrim ko’rsatkichlarini oshirish ustida tadqiqotlar olib borilmoqda. Bu esa sifatli tola mahsulotning xalqaro bozordagi raqobatbardoshligini ta’minlashda muhim omil bo’lib hizmat qiladi.

G‘O‘ZADA (*GOSSYPIUM HIRSUTUM* L.) HY5 GENI RNAi LINIYALARIDA ABIOTIK STRESSLARGA EPIGENETIK MOSLANISH MEXANIZMLARINI TAHLIL QILISH

Mamajonov B.O., Ayubov M.S., Yusupov A.N., Murodov A.A., Obidov N.Sh., Bashirxonov Z.H., Muhammadov Y.A.

O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genomika va bioinformatika markazi.
e-mail: mamajonovbexzod@gmail.com

G‘o‘za (*Gossypium hirsutum* L.) o‘simligida abiotik stresslarga moslanish jarayonlari mavjud bo’lib, bu jarayon murakkab molekulyar va epigenetik mexanizmlar orqali boshqariladi. Dunyo olimlari tomonidan olib borilgan

tadqiqotlarda HY5 (*ELONGATED HYPOCOTYL 5*) geni yorug‘lik signalizatsiyasi asosida stressga javob reaksiyalarini boshqaruvchi muhim transkripsiya faktor sifatida etirof etilgan. HY5 geni o‘simliklarda yorug‘lik signallarini qabul qilish orqali qator jarayonlar xususan, fotosintez jarayoni, antioksidant tizimini hamda stressga javob beruvchi genlarning faolligini boshqarishda ishtirok etadi. Shu sababli HY5 genining epigenetik boshqaruv mexanizmlari bilan bog‘liqligini o‘rganish g‘o‘zada abiotik stresslarga chidamli yangi liniyalarini olishda muhim ilmiy ahamiyat kasb etadi.

O’simliklarda qurg‘oqchilik, sho‘rlanish va yuqori harorat ta’siri natijasida o‘simlik genomida DNK metillanishi, giston modifikatsiyalari va non-coding RNA (ncRNK)lar faoliyatida sezilarli o‘zgarishlar yuzaga keladi. Bu esa o’simliklarni stressli muhitga moslashuv jarayonini kuchaytiradi. Tadqiqotlarda turli stress sharoitlarda HY5 geni bilan bog‘liq signal yo‘llari ham epigenetik mexanizmlar orqali tartibga solinishi o’rganilgan.

Xususan, g‘o‘zada DNK metillanish darajasining o‘zgarishi HY5 bilan bog‘liq transkripsiya faktorlari hamda stressga javob beruvchi genlarning faolligiga o’z ta’sir ko‘rsatadi. Natijada o‘simliklarda antioksidant fermentlarning faolligi ortib, reaktiv kislorod shakllarining zararli ta’siri doirasi kamayishi aniqlangan.

Abiotik stressli sharoitda HY5 geni ABA **(**Abscisic Acid) signalizatsiyasi bilan o‘zaro bog‘lanishi o’simlikda barg og’izchalarining yopilishi, suv va gaz almashinuvining boshqarilishi hamda osmotik moslanish reaksiyalarida ishtirok etadi. O‘simliklarda stressli sharoit ta’sirida epigenetik mexanizmlar faollashadi va ular hujayralarda “stress xotirasi”ni shakllantiradi. Natijada keyingi stress holatlarida himoya genlari tezroq va samaraliroq faollashib, o‘simlikning moslanish qobiliyati oshadi.

Giston modifikatsiyalari ham HY5 genining funksional faolligini boshqarishda muhim ahamiyatga ega. Yuqori haroratli stress sharoitda HY5 geni heat shock oqsillari (HSP) bilan bog‘lanib, signal yo‘llarini faollashtiradi. Natijada, hujayrada oqsillarning barqarorligi saqlanib qoladi. Bundan tashqari, ncRNK va lncRNK (uzun kodlamaydigan RNKlar) molekulalari HY5 genining faolligini posttranskripsion darajada boshqarishda ishtirok etishi tadqiqotchilar tomonidan o’rganilgan.

RNAi texnologiyasi asosida HY5 genining supressiya qilinishi ushbu genning stressga moslashishdagi funksional ahamiyatini o’rganish imkonini beradi. SynHY5 RNAi transgen liniyalarida kuzatilgan fenotipik va fiziologik o‘zgarishlar HY5 genining fotosintez, pigmentatsiya va stressga javob reaksiyalaridagi muhim rolini tasdiqlaydi. Ayrim hollarda barg pigmentatsiyasining kamayishi va antosianin to‘planishining ortishi stressga javob reaksiyalarining o‘zgarishi bilan bog‘liq ekanligi kuzatiladi. Bu esa HY5 genining epigenetik boshqaruv tizimlari bilan chambarchas bog‘liq ekanligidan darak beradi.

Umuman olganda, DNK metillanishi, giston modifikatsiyalari va ncRNK asosidagi epigenetik mexanizmlarning ishlashi g‘o‘zada HY5 geni orqali stressga javob reaksiyalarini amalga oshirish bilan birga stress muhitiga moslashish jarayonlarini ham faollashtiradi. Bu esa kelajakda qurg‘oqchilik, sho‘rlanish va yuqori haroratga chidamli yangi transgen va seleksion liniyalarni yaratishda muhim nazariy va amaliy asos bo‘lib xizmat qiladi. Bu borda bugingi kunda Genomika va bioinformatika markazida HY5 geni asosida olingan nav va liniyalarda amaliy tadqiqotlar olib borilmoqda.

BUG‘DOY HOSILDORLIGINI OSHIRISHNING ILMIY ASOSLARI VA SAMARALI YO‘LLARI

Mardonova M.R., Meliev S.K., Shokirova D.Sh.

O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genetika va o’simliklar eksperimental biologiyasi instituti.
e-mail: igebr_anruz@mail.ru.

Bug‘doy hosildorligi ko‘plab omillarga bog‘liq bo‘lib, ularning har biri o‘zaro chambarchas bog‘langan holda ta’sir ko‘rsatadi. Eng muhim omillar qatoriga tuproq unumdorligi, iqlim sharoiti, urug‘ sifati, agrotexnik tadbirlar, o‘g‘itlash va sug‘orish tizimi kiradi. Tuproq unumdorligi yuqori hosil olishning asosiy omillaridan biri hisoblanadi.

Tuproqda gumus miqdori yetarli bo‘lishi, uning strukturasining yaxshiligi va oziqa moddalar bilan ta’minlanganligi o‘simlikning rivojlanishiga bevosita ta’sir ko‘rsatadi. Shu sababli tuproqni muntazam ravishda organik va mineral o‘g‘itlar bilan boyitib borish zarur. Iqlim sharoiti ham bug‘doy hosildorligiga katta ta’sir ko‘rsatadi. Haroratning keskin o‘zgarishi, namlik yetishmasligi yoki ortiqchaligi o‘simlikning o‘sishi va rivojlanishini sekinlashtiradi. Ayniqsa, boshoqlanish va don to‘lish davrida optimal sharoitlarning bo‘lishi yuqori hosil olishda muhim ahamiyat kasb etadi.

Yuqori hosildorlikka erishishda sifatli va serhosil navlarni tanlash muhim o‘rin tutadi. Zamonaviy seleksiya yutuqlari asosida yaratilgan navlar yuqori hosildorlikka ega bo‘lishi bilan birga, kasalliklarga va noqulay sharoitlarga nisbatan chidamli bo‘ladi. Agrotexnik tadbirlar tizimi bug‘doy yetishtirishning asosiy poydevorini tashkil etadi. Ekish muddatlariga qat’iy rioya qilish, optimal urug‘ me’yorini belgilash, tuproqni sifatli tayyorlash va parvarishlash ishlari hosildorlikni oshirishga xizmat qiladi. Ekishning kechikishi yoki juda erta amalga oshirilishi hosildorlikning pasayishiga olib kelishi mumkin.

O‘g‘itlash tizimi bug‘doy hosildorligini oshirishda alohida ahamiyatga ega. Azot o‘g‘itlari o‘simlikning vegetativ o‘sishini kuchaytiradi, fosfor ildiz tizimini rivojlantiradi, kaliy esa o‘simlikning umumiy chidamliligini oshiradi. Ushbu o‘g‘itlarni muvozanatli va ilmiy asosda qo‘llash yuqori samaradorlikni ta’minlaydi. Sug‘orish bug‘doy yetishtirishda hal qiluvchi omillardan biridir.

Suv resurslaridan oqilona foydalanish, sug‘orish muddatlarini to‘g‘ri belgilash va zamonaviy sug‘orish texnologiyalarini qo‘llash hosildorlikni sezilarli darajada oshiradi. Ayniqsa, o‘simlikning muhim fenologik bosqichlarida suv bilan ta’minlanishi katta ahamiyatga ega. Bug‘doy kasalliklari hosildorlikni kamaytiruvchi asosiy omillardan biri hisoblanadi. Zang, un shudring va qora kuya kabi kasalliklar o‘simlikning rivojlanishini susaytiradi va hosil miqdorini keskin kamaytiradi. Undan tashqari zararli hashorotlar ham bug’doyni yeb katta ziyon keltiradi. Shu sababli kasalliklarga qarshi o‘z vaqtida kurashish, profilaktik choralarni qo‘llash va himoya vositalaridan foydalanish zarur.

Zamonaviy qishloq xo‘jaligida innovatsion texnologiyalarni joriy etish bug‘doy hosildorligini oshirishda muhim ahamiyat kasb etmoqda. Masalan, aniq dehqonchilik (precision farming), raqamli monitoring tizimlari va yuqori samarali texnikalardan foydalanish resurslarni tejash va hosildorlikni oshirish imkonini beradi.

Tajribamizda dala sharoitida bug‘doyning turli xil navlari ekildi, va hosildor navlar tanlab olindi. Tanlab olingan navlar ustida chatishtirish ishlari olib borildi , olingan F avlodlarida hosildorlik belgilari o’rganildi. Avlodlarda boshoq og’irligi, boshoqcha soni, boshoq uzunligi, don soni va don og’irligi kabi belgilari o’rganildi. Yuqori hosildor navlar yaratildi.

Xulosa qilib aytganda bug‘doy hosildorligini oshirish ko‘p omilli jarayon bo‘lib, u kompleks yondashuvni talab etadi. Tuproq unumdorligini oshirish, sifatli urug‘dan foydalanish, agrotexnik tadbirlarni to‘g‘ri tashkil etish, o‘g‘itlash va sug‘orish tizimini mukammallashtirish hamda kasalliklarga qarshi samarali kurashish yuqori va barqaror hosil olishning asosiy shartlaridir. Kelajakda bug‘doy yetishtirish samaradorligini oshirish uchun ilm-fan yutuqlaridan keng foydalanish, zamonaviy texnologiyalarni joriy etish va ekologik jihatdan barqaror usullarni qo‘llash muhim ahamiyat kasb etadi.

O‘RTA TOLALI “RAVNAQ-1” G‘O‘ZA NAVI SINOV NAMUNALARNING BIR ChANOQDAGI PAXTA OG‘IRLIGI VA TOLA ChIQIMI KO‘RSATKIChLARI

Muhammadov Y.A., Mamanazarov Sh.I.

O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genomika va bioinformatika markazi.
e-mail: yuldoshbekmukhammadov@gmail.com

So‘ngi yillarda paxtachilikda zamonaviy samarador agrotexnologiyalarni qo‘llash va urug‘chilik tizimiga erkin bozor mexanizmlarini joriy etish orqali hosildorlikni keskin oshirish, paxta xomashyosini yetishtirishda ilmiy-innovatsion yondashuvlarni qo‘llashni kengaytirish maqsadida keng ko‘lamli ishlar amalga oshirilmoqda.

Paxtachilik O‘zbekiston qishloq xo‘jaligining yetakchi tarmoqlaridan biri bo‘lib, uning samaradorligi ko‘plab omillarga bog‘liq. Bir ko‘sakdagi paxta og‘irligi hosildorlikni belgilaydigan asosiy ko‘rsatkichlardan biri hisoblanadi. Bu ko‘rsatkich nafaqat miqdor, balki tolaning sifat ko‘rsatkichlariga ham bog‘liqdir.

Ushbu tadqiqotda “Ravnaq-1” g‘o‘za navi sinov namunalarining bir ko‘sakdagi paxta og‘irligi tola chiqimi ko‘rsatkichlari aniqlangan bo‘lib, bu

ma’lumotlar g‘o‘za yetishtiruvchilar va paxta sanoati uchun katta ahamiyatga ega. “Ravnaq-1” g‘o‘za navi O‘zbekiston Respublikasi Fanlar akademiyasi Genomika va bioinformatika markazi tomonidan yaratilgan innovatsion seleksiya natijasidir. Mazkur nav yuqori hosildorligi va tolasi sifat ko‘rsatkichlari bilan ajralib turadi.

Tadqiqotlar davomida “Ravnaq-1” g‘o‘za navi birinchi yilgi oilani sinash ko‘chatzoridan terib olingan sinov namunalarining bir ko‘sakdagi paxta og‘irligi, tola chiqimi va tola uzunligi ko‘rsatkichlari laboratoriya sharoitida tahlil qilindi. Tahlil davomida jami 163 ta oila o‘rganilib ular 51 ta oila sog‘lom va 112 ta oila yaroqsiz oilalarga ajratildi.

O‘rganilgan ko‘rsatkichlarga ko‘ra bir ko‘sakdagi paxta og‘irligi barcha tahlil qilingan oilalarda o‘rtacha 7,0 grammni tashkil qildi. Bir ko‘sakdagi paxta og‘irligi bo‘yicha yuqori ko‘rsatkichga ega bo‘lgan 51 ta sog‘lom oila ekishga tanlab olinib, bu oilalarning o‘rtacha bir ko‘sakdagi paxta og‘irligi 7,2 grammni tashkil qildi. Ekishga yaroqsiz deb topilgan 112 ta oilada bir ko‘sakdagi o‘rtacha paxta og‘irligi 6,9 gramni tashkil qildi. Natijalar shuni ko‘rsatdiki, ekishga yaroqsiz deb topilgan oilalarda bir ko‘sakdagi paxta og‘irligi biroz kamligi aniqlandi.

Bundan tashqari barcha tahlil qilingan oilalarda o‘rtacha tola chiqimi ko‘rsatkichlari 37,5-37,6 % ni tashkil qildi. Bu ko‘rsatkich tolaning sifat jihatdan yuqori darajada ekanligini bildiradi.

Xulosa qilib aytganda, olib borilgan tahlillar natijasida yuqori hosildorlik va sifatli tola berishi bilan ajralib turuvchi oilalar saralab olindi. Bu esa kelgusida yuqori hosildor paxta navlarini yaratishda muhim ahamiyat kasb etadi.

GERBITSIDLARGA CHIDAMLILIKNING SHAKLLANISH MEXANIZMLARI VA ULARNING MOLEKULYAR ASOSLARI

[1]Murodullayeva N.O., [1]Toshmuxammedova Sh.S., [2]Usmanov D.E., [1,2]Abdukarimov Sh.S., [2]Xusanbayeva SH.R., [2]Nuriddinova M.T., [2]Ergasheva S.I.

[1]Mirzo Ulug’bek nomidagi O’zbekiston Milliy universiteti;
[2]O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genomika va bioinformatika markazi.
e-mail: noilamurodullayev@gmail.com

Begona o‘tlar tufayli dunyo miqyosida qishloq xo‘jaligi ekinlarida sezilarli hosil yo‘qotishlari kuzatiladi va ularni samarali nazorat qilish zamonaviy dehqonchilikning muhim vazifalaridan biri hisoblanadi. Begona o‘tlarni boshqarishda kimyoviy usul, ya’ni gerbitsidlardan foydalanish eng samarali va iqtisodiy jihatdan qulay usullardan biri bo‘lib, ayrim hollarda madaniy o‘simliklarning nobud bo‘lishiga ham olib keladi. Glifosat dunyo bo‘yicha eng ko‘p qo‘llaniladigan keng ta’sir doirasiga ega gerbitsidlardan biri bo‘lib, ko‘plab begona o‘t turlariga qarshi yuqori samaradorlikka ega.

So‘nggi yillarda gerbitsidlarning takroriy qo‘llanilishi natijasida ko‘plab begona o‘t turlarida ularga nisbatan chidamlilik shakllanib bormoqda. Gerbitsidlarga chidamli begona o‘tlarning soni yil sayin ortib borayotgani global qishloq xo‘jaligi uchun jiddiy muammo sifatida e’tirof etilmoqda.

Délye va boshqalarning tadqiqotlarida o‘simliklarda gerbitsidga chidamlilik nishon fermentdagi mutatsiyalar, gen amplifikatsiyasi, gerbitsid translokatsiyasining kamayishi yoki metabolik detoksifikatsiyaning kuchayishi kabi mexanizmlar orqali yuzaga kelishi mumkinligi aniqlangan.

Glifosatga chidamli o‘simliklarda *EPSPS* genining ko‘payishi va gerbitsidning o‘simlik hujayralarida to‘planishi eng ko‘p uchraydigan chidamlilik mexanizmlaridan biri hisoblanadi. Gerbitsidlarga chidamlilik mexanizmlarini o‘rganish muhim ahamiyatga ega. Shu sababli gerbitsidlarning ta’sir mexanizmlari

va ularga qarshi shakllanuvchi himoya tizimlari o‘rtasidagi bog‘liqlikni o‘rganish muhim hisoblanadi.

“Gerbitsidlarga chidamlilikning shakllanishi o‘simlik hujayralarida kechadigan murakkab biokimyoviy va molekulyar jarayonlar bilan bog‘liq bo‘lib, bunda turli ferment tizimlari asosiy rol o‘ynaydi. Xususan, sitoxrom P450 monooksigenazalari (Cytochrome P450), glutation-S-transferazalar (GST), glikoziltransferazalar va boshqa detoksifikatsiya fermentlari gerbitsid molekulalarini metabolik o‘zgartirish orqali ularning toksikligini kamaytiradi. Natijada gerbitsid faol moddalari parchalanadi yoki hujayra vakuolalarida zararsiz shaklda to‘planadi. Bundan tashqari, gerbitsidlarning nishon fermentlarida yuz beradigan mutatsiyalar ham preparatlarning bog‘lanish samaradorligini pasaytirib, o‘simliklarda chidamlilikning rivojlanishiga sabab bo‘ladi. Ayniqsa, EPSPS, ALS, ACCase kabi fermentlarning strukturaviy o‘zgarishlari ko‘plab begona o‘t turlarida gerbitsidlarga nisbatan target-site resistance (TSR) mexanizmining shakllanishiga olib keladi. Shu bilan birga, fermentlar orqali amalga oshadigan metabolik detoksifikatsiya jarayonlari non-target-site resistance (NTSR) mexanizmining asosini tashkil etadi. Tadqiqotlar shuni ko‘rsatadiki, ferment tizimlarining faollashuvi gerbitsidlarning ta’sir kuchini sezilarli darajada kamaytirib, chidamli genotiplarning tanlanishi va populyatsiyada tarqalishiga xizmat qiladi. Shuning uchun ushbu ferment tizimlari gerbitsidlarga chidamlilik evolyutsiyasining muhim molekulyar omillaridan biri hisoblanadi.

Sammons va boshqalar (2014) tomonidan glifosat gerbitsidiga chidamli o‘simliklarda *EPSPS* genida sodir bo‘ladigan mutatsiyalar ferment sezuvchanligini kamaytirishi aniqlangan. *EPSPS* genining amplifikatsiyasi natijasida hujayrada ferment miqdori ortib, gerbitsid ta’siri susayishi mumkin.

Nishon-saytga bog‘liq (target-site resistance) mexanizmlar gerbitsid ta’sir qiladigan ferment yoki oqsilning genetik o‘zgarishi natijasida yuzaga keladi va

uning bog‘lanish samaradorligini pasaytiradi. Nishon-saytga bog‘liq bo‘lmagan (non-target-site resistance) mexanizmlar gerbitsidning o‘simlikka kirishi, tashilishi, parchalanishi yoki hujayra ichida taqsimlanishidagi o‘zgarishlar bilan bog‘liq.

QURG‘OQCHILIK STRESSI TA’SIRIGA G‘O‘ZA RIL POPULYATSIYASINING AGROMORFOLOGIK VA FIZIOLOGIK JAVOBLARI

Muxammadaliyev R.I., Makamov A.X., Normamatov I.S., Xolmuradova M.M., Mamajanov A.B., Xusenov N.N., Norbekov J.K., Maxmarajabov E.J.

O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genomika va bioinformatika markazi.
e-mail: ravshanbe95@gmail.com

Qurg‘oqchilik butun dunyoda qishloq xo‘jaligi mahsuldorligini cheklovchi asosiy ekologik omillardan biridir. Iqlim o‘zgarishi, yuqori harorat va suv tanqisligi ko‘plab hududlarda qurg‘oqchilikning chastotasi va keskinligini oshirdi. Natijada, ayniqsa, qishloq xo‘jaligiga qaram mamlakatlarda qishloq xo‘jaligi ekinlarining o‘sishi, hosildorligi va oziq-ovqat xavfsizligiga jiddiy ta’sir ko‘rsatmoqda. O‘zbekistonda qurg‘oqchilik muammosi qurg‘oqchil iqlim va cheklangan suv resurslari tufayli jiddiy tus olmoqda.

G‘o‘za (Gossypium spp.) O‘zbekistondagi asosiy qishloq xo‘jaligi ekinlaridan biri, ammo u suv tanqisligiga sezgir. Qurg‘oqchilik stressi fotosintez, suv balansi va o‘simliklarning o‘sishi kabi muhim fiziologik jarayonlarga ta’sir qilib, tola sifati va hosildorligining pasayishiga olib keladi. Shu sababli, o‘zgaruvchan iqlim sharoitida barqaror paxta hosilini yetishtirish uchun qurg‘oqchilikka chidamlilik mexanizmlarini o‘rganish va chidamli g‘o‘za genotiplarini aniqlash muhim ahamiyatga ega.

Tadqiqotda g‘o‘zaning yovvoyi turlari G. *tomentosum* L. va G. *mustelinum* L. ishtirokida olingan RIL populyatsiyasini dala sharoitida nazorat va suv tanqisligi

(qurg‘oqchilik) muhitlarida o‘rganilgan agromorfologik va fiziologik belgilari tahlil qilindi. Qurg‘oqchilik stressi hosildorlik bilan bog‘liq ko‘rsatkichlarning sezilarli darajada pasayishiga olib keldi. Suv tanqisligi sharoitida bir tup o‘simlikning o‘rtacha hosildorligi nazoratga nisbatan o‘rtacha 45,05 g dan 35,57 g gacha pasayib, eng sezilarli pasayishni ko‘rsatdi. Bu kamayish reproduktiv rivojlanishga ta’sir qiluvchi osmotik stressning bevosita oqibatidir. Xuddi shunday, ko‘saklarning o‘rtacha vazni va 1000 dona chigit vazni o‘rtacha pasayishni ko‘rsatdi, bu esa qurg‘oqchilik birinchi navbatda ko‘saklarning to‘lish bosqichida uglerod taqsimlanishiga ta’sir qilishini ko‘rsatadi. Qizig‘i shundaki, Tola chiqimi foizi biroz o‘sishni ko‘rsatdi (38,83% dan 39,77% gacha), bu chigit vaznining tola biomassasiga nisbatan ko‘proq nisbiy kamayishi bilan bog‘liq bo‘lishi mumkin. O‘simlik bo‘yi 100,95 sm dan 90,25 sm gacha pasayganligini ko‘rsatdi. Vegetativ o‘sishning bunday bostirilishi odatiy stressdan qochish strategiyasi bo‘lib, bunda o‘simlik energiyani vertikal kengayishdan ildiz rivojlanishiga yoki hujayrani tirik (faol) saqlashga qayta taqsimlaydi.

RILlarning fiziologik javobi o‘simliklarning moslashuv mexanizmlarini izohlaydi: Barglarning nisbiy suv miqdori stress ostida 51,95% dan 45,77% gacha kamaydi, bu esa turgor bosimining yo‘qolishini ko‘rsatadi. Biroq, 1 soat, 4 soat va 6 soat oralig‘ida eksizlangan barglardagi suv yo‘qotilishi qurg‘oqchilik sharoitida nazoratga nisbatan sezilarli darajada past qiymatlarni ko‘rsatdi. Bu shuni ko‘rsatadiki, o‘simliklar og‘izchalarning yopilishi va kutikulyar mum to‘planishining kuchayishi kabi moslashuv mexanizmlarini faollashtirgan, bu esa og‘izchalarsiz transpiratsiyani kamaytirishga yordam bergan. Xlorofill miqdori qiymatlari 45,24 dan 39,92 gacha pasaygan, bu esa qurg‘oqchilik tufayli yuzaga keladigan barg qarishining keng tarqalgan belgisi bo‘lgan xlorofill parchalanishi yoki sintezining pasayishini aks ettiradi. Vodorod peroksidi miqdori sezilarli darajada (855,38 dan 955,10 mkmol/g gacha) ortgani kuzatildi, bu esa oksidlanish

stressi yuzaga kelganidan dalolat beradi. Stress sharoitida vodorod peroksidi uchun yuqori variatsiya koeffitsiyenti (CV%) (20,35%) RILlar o‘rtasida antioksidantlarni zararsizlantirish qobiliyati bo‘yicha keng genetik xilma-xillik mavjudligini ko‘rsatadi. Variatsiya koeffitsiyenti (CV%) qurg‘oqchilik stressi sharoitida bir tup o‘simlikning o‘rtacha hosildorligi, eksizlangan barglardagi suv yo‘qotilishi va bargning nisbiy suv miqdori kabi belgilar uchun nisbatan yuqori bo‘lganligi aniqlandi. Stress sharoitida fiziologik belgilarning CV% oshishi (masalan, ELWL_1h 31,40% dan 45,71% gacha oshishi) qurg‘oqchilik stressi genotiplar o‘rtasida differensial javoblarni keltirib chiqarganini ko‘rsatadi. RIL populyatsiyasidagi bunday yuqori darajadagi fenotipik plastiklik va genetik o‘zgaruvchanlik kelajakdagi seleksiya dasturlari uchun qurg‘oqchilikka chidamli liniyalarni tanlash uchun mustahkam asos yaratadi.

G‘O‘ZANING YANGI IRSIY ASOSGA EGA TIZMALARI VA NAVLARINING TOLA CHIQIMI VA TOLA UZUNLIGI BO‘YICHA SUV TANQISLIGIGA GENOTIPIK REAKSIYALARI

Nabiev S.M., Xamdullaev Sh.A.

O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genetika va o’simliklar eksperimental biologiyasi instituti.
e-mail: m.saydigani@mail.ru

O‘zbekiston respublikasining eng muhim qishloq xo‘jalik ekini bo‘lgan g‘o‘zaning qimmatli - xo‘jalik belgilari – tola chiqimi va tola uzunligi bo‘yicha suv tanqisligiga ta’sirchanlik darajalari, ya’ni genotipik reaksiyalarini tadqiq etish hozirgi zamon paxtachiligining ustivor yo‘nalishlaridan biridir. Tola chiqimi har gektar yerdan olinadigan tola hosildorligini, tola uzunligi esa uning sifatini belgilaydigan asosiy ko‘rsatkichlar sifatida qaraladi. Shundan kelib chiqqan holda tadqiqotimizda g‘o‘zaning turlararo va turichi tizmalari va navlarining tola chiqimi

va tola uzunligi belgilari bo‘yicha suv tanqisligiga genotipik reaksiyalarini o‘rgandik.

Tadqiqot ob’ekti sifatida g‘o‘zaning bir qator tetraploid va diploid turlari ishtirokida olingan T-1; T-2; T-3; T-4,T-5,T-6, T-7; T-8,T-9,T-10, T-12; T-13,T-14, T-15; T-16; T-17,T-18, T-19, T-20 tizmalaridan, mahalliy o‘rta tolali Shodlik-11, Ishonch, Namangan-77 navlaridan, ingichka tolali Marvarid va Durdona - 2 navlaridan va Xitoy seleksiyasiga mansub o‘rta tolali Chuntay-2, Xi Lu Zong-52, Xi Lu Zong -78 navlaridan foydalanildi.

Dala tadqiqotlari O‘zR FA Gva O‘EBIning Zangiota tajriba stansiyasining dalasida olib borildi. G‘o‘za tizmalari va navlari suv bilan optimal ta’minlanganlik (sug‘orish sxemasi 1-2-1) va suv tanqisligi (sug‘orish sxemasi 1-1-0) fonlarida rendomizatsiya usulini qo‘llagan holda uch qaytariqda, xar bir qaytariqda ikki qatordan, xar bir qatorda 25 ta uyadan iborat holda yetishtirildi.

Optimal suv rejimi, ya’ni nazorat variantida tola chiqimi bo‘yicha eng yuqori ko‘rsatkichlar Xitoy seleksiyasiga mansub Chuntay-2, Xi Lu Zhong -52 va Xi Lu Zhong -78 navlarida (mos ravishda, 45,5%,43,6% va 42,0%), mahalliy Namangan-77 navida (41,2%), T-12 – (Navbaxor x 3B) x (*G.hirsutum* x *G.sturtii*), T-10 (108-RF) tizmalarida (mos ravishda, 44,6% va 44,1%) qayd etildi. Umuman olganda, T-14 – (Orzu x Navbaxor) x (*G.hirsutum* x *G. tomentosum*), L-421 va L-1003 tizmalaridan boshqa barcha tizmalarda tola chiqimi 40,0% dan yuqori bo‘ldi. Ushbu belgining ko‘rsatkichlari Shodlik-11 va Ishonch navlarida 37,7% danni, ingichka tolali Marvarid va Durdona-2 navlarida mos ravishda, 35,7% va 35,1% ni tashkil etdi.

Nazoratga nisbatan suv tanqisligi fonida ba’zi g‘o‘za genotiplarida tola chiqimi biroz oshgan bo‘lsa, ba’zilarida esa aksincha, biroz kamaydi yoki ishonchli farqlanmadi. Xitoy navlari suv stressi sharoitida ham yuqori tola chiqimiga (42,4-

45,8%) ega bo‘ldilar. T-6, T-4, T-7 va T-10 tizmalarida ham tola chiqimi yuqori bo‘lib. 44,0-45,8% ni tashkil etdi.

Suv bilan optimal ta’minlanganlik fonida Chuntay-2, Xi Lu Zhong -52 va Xi Lu Zhong -78 navlarida tola uzunligi mos ravishda, 32,7mm,32,2mm va 33,4mm, suv tanqisligi fonida esa 31,5mm,30,3mm va 31,4mm bo‘ldi. Ingichka tolali Marvarid va Durdona-2 navlarida nazoratda mos ravishda, 38,2mm va 38,0mm, suv tanqisligida esa 37,5mm va 37,3mm ni tashkil etdi. Tuproq qurg‘oqchiligida Ishonch, shodlik-11 navlarida, T-3, T-9,T-11, T-14, L-218, L-421,tizmalarida ham boshqa genotiplarga nisbatan biroz yuqoriroq bo‘lib, 32,0mm-32,6mm ni tashkil etdi.

Shunday qilib, tadqiqotimizda o‘rganilgan g‘o‘za tizmalari va navlari tola chiqimi va uzunligi bo‘yicha suv tanqisligiga turlicha genotipik reaksiya namoyon etdilar va bu belgilar bo‘yicha qimmatli ashyolar ajratib olindi. Bu ashyolardan g‘o‘zaning suv tanqisligiga chidamliligini yuqori tola chiqimi va uzunligi bilan uyg‘unlashtirgan navlarni yaratishda foydalanish mumkin.

TURLI RANGLI G‘O‘ZA NAMUNALARI VA ULARNING F_1 DURAGAYLARIDA UMUMIY XLOROFILL MIQDORINING IRSIYLANISHI

Nabiyev S.M., Matniyazova H.X., Karshibaeva D., Xamdullaev Sh.A.

O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genetika va o’simliklar eksperimental biologiyasi instituti.
e-mail: m.saydigani@mail.ru

Tadqiqotlarimizda g’o’zaning oq tolali Gulshan navi, qo’ng’ir tolali 09965, 011250, yashil tolali 010764 namunalari, ularning F_1 Gulshan×010764, F_1 09965×Gulshan, F_1 Gulshan×09965, F_1 010764×Gulshan, F_1 011250×010764, F_1 011250×010764 duragaylari o’simliklarining barglaridagi umumiy xlorofill

miqdori suv tanqisligi, optimal suv rejimi va tuproq sho’rlanishi fonlarida o’simliklarning ommaviy gullash-hosil to’plash davrida aniqlandi.

Optimal suv rejimi, ya’ni nazorat fonida to’g’ri F_1 Gulshan x 010764 va teskari F_1 010764 x Gulshan duragay kombinatsiyalarida umumiy xlorofill miqdori belgisi ko’rsatkichi yuqori bo’lgan Gulshan navining to’liqsiz dominantligi (mos ravishda, hp=0,85 va hp= 0,65) holatida irsiylandi. To’g’ri F_1 09965 x Gulshan duragay kombinatsiyasida umumiy xlorofill miqdori belgisi ko’rsatkichi past bo’lgan 09965 namunasining to’liq dominantligi (hp= -1,0), teskari F_1 Gulshan x 09965 kombinatsiyasida esa past ko’rsatkichli 09965 namunasining to’liqsiz dominantligi (hp = -0,77) holatlarida irsiylandi. To’g’ri F_1 010764 x 011250 va teskari F_1 011250 x 010764 duragay kombinatsiyalarida umumiy xlorofill miqdori belgisi salbiy o’ta dominantlik (mos ravishda, hp= -25,7 va hp= -31,7) holatida irsiylandi.

Suv tanqisligi sharoitida to’g’ri F_1 Gulshan x 010764 duragay kombinatsiyasida umumiy xlorofill miqdori belgisi ko’rsatkichi yuqori bo’lgan Gulshan navining to’liqsiz dominantligi (hp=0,63), teskari F_1 010764 x Gulshan kombinatsiyasida esa salbiy o’ta dominantlik (hp = -1,6) holatida irsiylandi. To’g’ri F_1 09965 x Gulshan duragay kombinatsiyasida umumiy xlorofill miqdori belgisi ijobiy o’ta dominantlik (hp= 1,6), teskari F_1 Gulshan x 09965 kombinatsiyasida esa past ko’rsatkichli 09965 namunasining to’liqsiz dominantligi (hp = -0,79) holatlarida irsiylandi. To’g’ri F_1 010764 x 011250 duragay kombinatsiyasida umumiy xlorofill miqdori belgisi past ko’rsatkichi 010764 namunasining to’liq dominantligi (hp= -1,0) holatida irsiylangan bo’lsa, teskari F_1 011250 x 010764 kombinatsiyasida esa yuqori ko’rsatkichli 011250 namunasining to’liqsiz dominantligi (hp = 0,46) holatlarida irsiylandi.

O’simliklar barglaridagi umumiy xlorofill miqdori bo’yicha olgan natijalarimizga ko’ra, ota-ona shakllari va duragay genotiplarining asosiy qismida

nazoratga nisbatan suv tanqisligida umumiy xlorofill miqdori turli darajada, chunonchi, oq tolali Gulshan navida 22,0%, qo’ng’ir tolali 09965 namunasida 5,2%, yashil tolali 010764 namunasida 10,8%, F_1 010764 x Gulshan da 34,1% ga kamaydi. Suv bilan optimal ta’minlanganlik sharoitiga, ya’ni nazoratga nisbatan tuproq sho’rlanishi sharoitida turli rangli tolali g’o’za namunalari va ularning F_1 duragaylarida umumiy xlorofill miqdori turli darajada oshdi.

Shunday qilib, o’simlik barglaridagi umumiy xlorofill miqdori turli rangli tolali g’o’za genotiplarining biologik xususiyatlari bilan bir qatorda, o’simliklarni yetishtirish sharoitlariga ham bogliqligi aniqlandi.

G‘O‘ZANING TURLARARO VA TURICHI TIZMALARI VA NAVLARINING O‘SIMLIK MAHSULDORLIGI BO‘YICHA SUV TANQISLIGIGA GENOTIPIK REAKSIYALARI

Nabiev S.M., Xamdullaev Sh.A.

O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genetika va o’simliklar eksperimental biologiyasi instituti.
e-mail: m.saydigani@mail.ru

Yer iqlimining global tarzda o‘zgarib borayotgani, respublikamizdagi suv zahiralarining cheklanganligi va yildan-yilga kuchayib borayotgan suv tanqisligi g‘o‘za hosilining hajmi va sifatiga kuchli salbiy ta’sir qilmoqda. Shu sababli, g‘o‘zaning turlararo va turichida navlararo chatishtirish asosida olingan tizma va navlarining, keyingi yillarda ma’lum maydonlarda ekilayotgan Xitoy seleksiyasiga mansub g‘o‘za navlarining asosiy qimmatli-xo‘jalik belgisi – o‘simlik mahsuldorligi bo‘yicha suv stressiga genotipik reaksiyalarini o‘rganish muhim vazifalardan biri hisoblanadi.

Tadqiqotimizning maqsadi - g‘o‘zaning turlararo va turichi tizmalari va navlarining o‘simlik mahsuldorligi bo‘yicha suv tanqisligiga genotipik reaksiyalarini tadqiq etish asosida istiqbolli navlar va tizmalarni aniqlashdan iborat.

Tadqiqot ob’ekti sifatida g‘o‘zaning G. hirsutum, G.turberii, G.raymondi, G.trilobum, G.tomentosum, G. anomalum, G stocksii, G. arboretum, G. barbadense, G. mustelinum, G. sturtii turlari ishtirokida olingan T-1; T-2; T-3; T-4,T-5,T-6, T-7; T-8,T-9,T-10, T-12; T-13,T-14, T-15; T-16; T-17,T-18, T-19, T-20 tizmalaridan, mahalliy o‘rta tolali Shodlik-11, Ishonch, Namangan-77 navlaridan, ingichka tolali Marvarid va Durdona - 2 navlaridan va Xitoy seleksiyasiga mansub o‘rta tolali Chuntay-2, Xi Lu Zong-52, Xi Lu Zong -78 navlaridan foydalanildi.

Dala tadqiqotlari O‘zR FA Gva O‘EBIning Zangiota tajriba stansiyasining dalasida olib borildi. G‘o‘za tizmalari va navlari suv bilan optimal ta’minlanganlik (sug‘orish sxemasi 1-2-1) va suv tanqisligi (sug‘orish sxemasi 1-1-0) fonlarida rendomizatsiya usulini qo‘llagan holda uch qaytariqda, xar bir qaytariqda ikki qatordan, xar bir qatorda 25 ta uyadan iborat holda yetishtirildi.

Suv bilan optimal ta’minlanganlik, ya’ni nazorat variantida o‘simlik mahsuldorligi, ya’ni bitta o‘simlikka to‘g‘ri keladigan paxta hosili bo‘yicha eng yuqori ko‘rsatkichlar Xitoy seleksiyasiga mansub Chuntay-2 navida va T-1 - (L-SAx Diyor) x (*G.hirsutum* x *G. tomentosum*), T-3 – (S-9082 x 3B) x (*G.hirsutum* x *G.arboreum*) tizmalarida (mos ravishda, 90,33g., 93,25g. va 91,17g.), eng past ko‘rsatkichlari esa ingichka tolali Marvarid va Durdona-2 va o‘rta tolali AN-516DV navlarida (mos ravishda, 50,53g.,52,68g. va 65,83g.) qayd etildi.

Modellashtirilgan qurg‘oqchilik, ya’ni suv tanqisligi fonida o‘simlik mahsuldorligi optimal suv rejimi fonida bo‘lganidek Chuntay-2, T-1 va T-3 tizmalari (mos ravishda, 75.00g.,75,71g. va 76,36g) dan tashqari, Xitoyning Xi Lu Zhong -78 navi va mahalliy Navbahor g‘o‘za navidan olingan T-6 tizmasida (mos ravishda, 73,57g. va 70,00g.), eng past ko‘rsatkichlari esa ingichka tolali Marvarid

va Durdona-2 g‘o‘za navlari (mos ravishda, 38,01g. va 37,41g.) dan tashqari, o‘rta tolali AN-516DV navi va sertuk bargli T-5 tizmasida qayd etilib, mos ravishda 42,86g. va 45,04g. ni tashkil etdi.

Genotipik reaksiya ko‘rsatkichlarining tahliliga ko‘ra, turli suv rejimlarida o‘simlik mahsuldorligi bo‘yicha nisbatan barqarorlik, ya’ni nazoratga nisbatan kam darajada (14,7-18,8%) hosil yo‘qotilishi Xitoyning Chuntay-2, Xi Lu Zhong -78 navlarida, T-1, T-3 va T-6 tizmalarida, kuchli darajadagi hosil yo‘qotilishi (39,1-39,5%) esa T-5, T-17 va T-18 tizmalarida aniqlandi.

Shunday qilib, Xitoy seleksiyasiga mansub o‘rta tolali Chuntay-2, Xi Lu Zhong -78 navlaridan hamda T-1, T-3 va T-6 tizmalaridan suv taqchil yillarda va hududlarda hamda g‘o‘zaning qurg‘oqchilikka chidamlilik seleksiyasida boshlang‘ich ashyo sifatida foydalanish tavsiya etiladi.

G‘O‘ZADA GENOM BO‘YLAB ASSOTSIATSIYA TADQIQOTLARINING (GWAS) RIVOJLANISH BOSQICHLARI VA KELGUSIDAGI ISTIQBOLLARI

Normamatov I.S., Makamov A.X., Boyqobilov U.A., Mamajanov A., Muxammadaliyev R.I., Buriev Z.T.

O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genomika va bioinformatika markazi.
e-mail: ilyosnormamatoov@gmail.com

G‘o‘za dunyoning eng muhim tabiiy tolali ekinlardan biri bo‘lib, to‘qimachilik sanoatida asosiy xomashyo manbai hisoblanadi. Shuningdek, g‘o‘za chigiti ozuqa manbai sifatida iqtisodiy tomondan strategik ahamiyat kasb etadi. Molekulyar genetik va biotexnologik yodashuvlar asosida biotik va abiotik stresslarga chidamli bo‘lgan yangi avlod g‘o‘za nav va liniyalarini yaratish ananaviy seleksiyasidan ko‘ra yuqori aniqlikdagi molekulyar markerlarga ehtiyoj yildan yilga ortib bormoqda. Bugungi kunda keng qo‘llanilayotgan samarali usullardan biri GWAS (Genome-Wide Association Study) bo‘lib, g‘o‘zaning germaplazma namunalarini,

ikki ota-onali (bi-parental) va ko‘p ota onali (MAGIC-Multi-parent Advanced Generation Inter-Cross) g‘o‘za namunalari asosida olingan populyatsiyalardagi genetik xilma-xilliklarni ishonchli aniqlashga qaratilgan. Shunindek, mazkur yondashuv, g‘o‘zaning fenotipik va genotipik belgilari o‘rtasidagi genetik bog‘liqlikni aniqlash orqali tabiatning biotik va abiotik stresslarga ahamiyati yuqori bo‘lgan QTL (Quantitative Trait Locus) lokuslari va nomzod genlarni aniqlash imkonini beradi. GWAS texnologiyasi nafaqat molekulyar darajada, shuningdek ananaviy seleksionerlarga maqsadli allellarni aniqlash, qimmatli genetik resurslarni tanlash orqali o‘simlik seleksiyasi jarayonini tezlashtirish imkonini beradi.

GWAS – bu organizmning butun genomi bo‘ylab minglab (40K, 63K va 80K array SNP chip markerlaridan) SNP (Single Nucleotide Polymorphism) markerlari bilan fenotip belgilari orasidagi bog‘lanishlarni aniqlash usuli hisoblanadi. GWASning asosiy maqsadi o‘simlikning morfobiologik belgilariga ta’sir qiluvchi genom hududidagi QTL lokuslar hamda ushbu lokuslarda joylashgan SNP markerlari asosida fenotipik belgilarga bog‘liq bo‘lgan nomzod genlarni aniqlash va tahlil qilishga qaratilgan. GWAS usulini g‘o‘zada qo‘llash orqali, butun g‘o‘za genomidagi murakkab miqdoriy belgilarning genetik asoslarini identifikatsiyalashda juda samarali yondashuv bo‘lib, g‘o‘za genetikasi va seleksiya jarayonlarini yanada jadallashtirishga olib keldi. G‘o‘za genomining tetraploidligi, yuqori darajadagi gomologlik va murakkab populyatsion tuzilmasiga qaramay, so‘nggi yillarda GWAS texnologiyasi asosida g‘o‘zaning hosildorligi, tolali sifat belgilari, abiotik va biotik stresslarga chidamliligini oshirishda, ko‘plab QTL lokuslar va nomzod genlarni aniqlash hamda ushbu genlarning expressiyasini o‘rganish orqali erishilmoqda.

Shu bilan birga, molekulyar markerlar va genom ma’lumotlari asosida ishlab chiqilgan molekulyar seleksiya asosida g‘o‘za yetishtirish jarayonini yanada samarali va barqaror qilish imkonini beradi. GWAS yondashuv orqali genetik

resurslardan maksimal foydalanish, stressga chidamli va yuqori hosildor navlarni tezroq rivojlantirish, shuningdek, fenotipik va genotipik belgilarni optimallashtirish imkoniyati yaratiladi.

SOVUQ ATMOSFERALI PLAZMA TA’SIRIDA QISHLOQ XO‘JALIGI EKINLARINING GENETIK-SELEKSION SAMARADORLIGINI OSHIRISH

[1,2]Oripova B.B., [2]Rafiyeva F.U., [2]Arslanova S.K., Xidirboyeva S.O., [2]Kushanov F.N.

[1]Toshkent davlat tibbiyot universiteti;
[2]O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genetika va o’simliklar eksperimental biologiyasi instituti.
e-mail: arslanovasevara87@gmail.com

O‘zbekistonda pomidor (*Solanum lycopersicum* L.) yetishtirishda genetik-seleksion samaradorlikni oshirish zamonaviy qishloq xo‘jaligining ustuvor yo‘nalishlaridan biridir. Global iqlim o‘zgarishi, tuproq degradatsiyasi va biotik hamda abiotik stress omillari mavjud navlarning barqaror hosildorligini keskin cheklamoqda. Ushbu muammolarni an’anaviy seleksiya usullari yordamida bartaraf qilish ko‘p vaqt va resurs talab etgani sababli yangi innovatsion yondashuvlarga ehtiyoj ortib bormoqda.

Sovuq atmosfera plazmasi (CAP) o‘simliklarga sezilarli ta’sir ko‘rsatadigan fizik texnologiyadir.

Keyingi yillarda biologiya sohasida past haroratli plazma (LTP) yoki termik bo‘lmagan plazma (NTP) deb ham ataladigan CAPdan foydalanish katta e’tirofga sazovor bo‘ldi. Ushbu usul urug‘larning unib chiqishini yaxshilash, o‘sishni kuchaytirish, yuzalarni sterillash, mikroorganizmlarni yo‘qotish, oziq-ovqat mahsulotlarini ishlab chiqarish va qayta ishlashni osonlashtirish hamda tez buziladigan mahsulotlarning saqlash muddatini uzaytirish kabi keng ko‘lamli

ta’sirga ega.

Qishloq xo‘jaligida plazmali qishloq xo‘jaligi yoki plazmali dehqonchilik ekinlarni yetishtirishdan oldingi bosqichlardan tortib, mahsulotni iste’mol qilishgacha bo‘lgan butun hayot sikli davomida plazmani har tomonlama o‘z ichiga oladi. O‘simlikshunoslik sohasida plazma bilan ishlov berish bo‘yicha ilmiy tadqiqotlar asosan potensialni aniqlash, ishlov berish protokollarini standartlashtirish va plazmaning o‘simliklarga biokimyoviy ta’sirini tavsiflashga qaratilgan.

So‘nggi tadqiqotlar plazmaning urug‘ unib chiqishi va o‘simliklarning hujayra darajasida rivojlanishiga ta’sirining molekulyar mexanizmlarini o‘rganishga qaratilgan. Ushbu tadqiqotlar gen ekspressiyasi qonuniyatlarini sinchkovlik bilan o‘rganish, transkriptomni har tomonlama tahlil qilish, oqsil ekspressiyasi profillarini o‘rganish va epigenetik ta’sirlarni o‘rganishni o‘z ichiga oladi.

Urug‘larning plazma bilan bevosita ta’siri urug‘ qobig‘i tuzilishining o‘zgarishini keltirib chiqaradi, urug‘larning unib chiqish jarayonlarining faollashishiga, unib chiqish muddatining qisqarishiga, kasalliklarga chidamlilikning oshishiga, o‘sish va yetilishning tez rivojlanishiga sabab bo‘ladi.

E’tiborli jihati shundaki, tadqiqot natijalarining ko‘rsatishicha, CAP urug‘larning unib chiqish samaradorligini oshiradi, urug‘larni sterilizatsiya qilish samaradorligini oshiradi va ko‘chat biomassasi, antioksidantlar ishlab chiqarish, o‘simlik gormonlari sintezi hamda himoya va qurg‘oqchilikka chidamlilik bilan bog‘liq genlar ekspressiyasini rag‘batlantirish orqali uzoq muddatli o‘sishni rag‘batlantiradi. Shunday qilib, sovuq atmosfera plazmasidan (CAP) foydalanish o‘simliklarning o‘sishi va umumiy hosildorligini yaxshilashga qaratilgan rivojlanayotgan strategiyadir.

ARTEMISIA ANNUA CADS GENINI OVEREKSPRESSIYALASH ORQALI ILK BOR ARTEMIZININ SINTEZLOVCHI G‘O‘ZA (*GOSSYPIUM HIRSUTUM* L.) GENOTIPLARINI OLISH

Raxmanov B.K., Buriyev Z.T., Ubaydullayeva X.A., Shermatov Sh.E., Abduraxmonov I.Y.

O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genomika va bioinformatika markazi.
e-mail: bakhtiyor.rakhmanov@gmail.com

Artemizinin moddasi bir yillik shuvoq (*Artemisia annua* L.) o‘simligidan ajratib olinadigan hamda keng ko‘lamli biologik faollikka ega bo‘lgan seskviterpen laktondir. Artemizininning yuqori samarali bezgakka qarshi vosita sifatida kashf etilishi va koplab insonlarning hayoni saqlab qolgani 2015-yilda Fiziologiya va Tibbiyot bo‘yicha Nobel mukofoti bilan taqdirlangan.

Zamonaviy ilmiy izlanishlar artemizinin va uning hosilalari SARS-CoV-2 (COVID-19) kabi bakterial va virusli infeksiyalarni davolashda, shuningdek, onkologiyada yuqori terapevtik potensialga ega ekanligini ko‘rsatmoqda.

Shu bilan birga, *A. annua* L. o‘simligida artemizininning tabiiy miqdori juda kam bo‘lganligi sababli, metabolik va gen muhandisligi usullarini qo‘llash dolzarb ahamiyat kasb etadi. Ushbu tadqiqotda *A. annua* L. o‘simligining *amorfa-4,11-dien sintaza* (*cADS*) geni *Agrobacterium tumefaciens* vositasida g‘o‘za (*Gossypium hirsutum* L.) genomiga kiritildi hamda ushbu genning overekspressiyasi va maqsadli metabolitlarning biosintez darajasi o‘rganildi.

PZR va Sanger sekvenirlash tahlillari natijasida yangi transformant g‘o‘za (Gh_ART2 va Gh_ART5) liniyalarida maqsadli gen konstruksiyasi barqaror integratsiyalangani tasdiqlandi.

UHPLC-Q-TOF-MS usulida o‘tkazilgan fitokimyoviy tahlil transformant g‘o‘za toqimalarida artemizinin va uning o‘tmishdosh birikmasi geterologik biosintez bo‘lganligi tasdiqlandi. Xo‘l massaning har 100 mg qismida Gh_ART2

liniyasida 0,05 mg, Gh_ART5 liniyasida esa 0,02 mg artemizinin mavjudligi aniqlandi. Bundan tashqari, Gh_ART5 liniyasida artemizininning prekursori arteannuin B metaboliti 0,28 mg miqdorida to‘planganligi aniqlandi.

Shunday qilib, dunyoda birinchi marta agrobakterial transformatsiya, somatik embriogenez va *Aa-cADS* geni overekspressiyasi usullari orqali g‘o‘za genomida artemizinin va arteannuin B biosinteziga erishildi. Bu esa biofarmatsevtik xomashyo yetishtirishda yangi va istiqbolli imkoniyatlarni ochib beradi.

G‘O‘ZA NIHOLLARIDA TUZLI STRESS VA OKSIDLANISH HAMDA ANTIOKSIDANT HIMOYA

Raxmatova N.R., Imamxodjaeva A.S., Kamburova V.S., Qodirova Sh.B.

O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genomika va bioinformatika markazi.
e-mail: rakhmatova_nodira@mail.ru

G‘o‘za (*Gossypium hirsutum* L.) glikofit tur bo‘lib, tuzli va boshqa abiotik stresslarga nisbatan chidamliligi bilan ajralib turadi, ammo stressga chidamlilik darajasidagi yaqqol genotipik farqlar ularni batafsil o‘rganish va baholash zaruratini keltirib chiqaradi. Hozirgi vaqtda g‘o‘zaning tuz stressiga moslashish reaksiyalarini tahlil qilish uchun fiziologik, biokimyoviy va molekulyar-biologik usullarni o‘z ichiga olgan kompleks yondashuv qo‘llanilmoqda.

Barqarorlikning asosiy diagnostik ko‘rsatkichlari fotosintetik pigmentlar tarkibi, antioksidant fermentlar (superoksiddismutaza va katalaza) faolligi, shuningdek, oksidlovchi shikastlanish markerlari, xususan, malon dialdegidi darajasi hisoblanadi. Ushbu parametrlardan foydalanish tuzga chidamli genotiplarni aniqlash va ularning stress sharoitlarga moslashish mexanizmlarini ochib berish imkonini beradi.

Ilgari g‘o‘zaning sho‘rlanishga reaksiyasi o‘rganilgan bo‘lsa-da, fiziologik va biokimyoviy ko‘rsatkichlar genotiplar o‘rtasida keskin farq qiladi. NaCl ning 50–200 mM oralig‘ida boshqariladigan ta’siri bilan o‘tkazilgan kompleks tajribalar tuzga chidamli navlarni aniqlash va ularning moslashish mexanizmlarini o‘rganish imkonini beradi.

Tadqiqotning maqsadi g‘o‘za navlari nihollarida xlorofill miqdori, oksidlanish stressi (MDA) ko‘rsatkichlari va antioksidant fermentlar (SOD va CAT) faolligiga model tuz stressining ta’sirini baholashdan iborat.

Ushbu tadqiqotda fitotronning nazorat sharoitida sho‘rlanishga chidamli g‘o‘za nihollarining fiziologik-biokimyoviy ko‘rsatkichlariga model tuz stressining ta’siri o‘rganildi. Tadqiqotning obyekti sifatida g‘o‘zaning 28 ta navi olindi. Tuz stressi 50, 100, 150 va 200 mM konsentratsiyali NaCl eritmalari yordamida modellashtirildi. Birinchi bosqichda nihollar barglaridagi xlorofill a (Chl a) miqdori baholandi. Tuz stressi ta’siridan 21 kun o‘tgach, barglarda lipidlarning peroksidlanishining asosiy mahsulotlaridan biri bo‘lgan malon dialdegidi (MDA) miqdori, shuningdek, antioksidant tizimning asosiy fermentlari — superoksiddismutaza (SOD) va katalaza (CAT) faolligi aniqlandi.

NaCl konsentratsiyasining oshishi MDA miqdorining oshishiga olib kelishi aniqlandi, bu oksidlanish stressi va hujayra membranalarining kuchayishini ko‘rsatadi. Tuz stressiga javoban nihollarda kislorodning reaktiv shakllarini neytrallashda ishtirok etuvchi SOD va CAT fermentlari faolligining o‘zgarishi bilan ifodalanuvchi antioksidant himoyaning faollashuvi kuzatildi.

Olingan natijalar g‘o‘za nihollarining sho‘r stressiga chidamlilik mexanizmlarini tavsiflash imkonini beradi va ekinlarning sho‘rga chidamliligini oshirish bo‘yicha seleksiya dasturlarida foydalanish mumkin.

G‘O‘ZADA (*GOSSYPIUM SPP*.) SHO‘RLANISHGA CHIDAMLILIK MEXANIZMLARINI O‘RGANISHDA METABOLOMIK TAHLILNING AHAMIYATI

Raxmatova N.R., Imamxodjayeva A.S., Qodirova Sh.B.

O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genomika va bioinformatika markazi.
e-mail: rakhmatova_nodira@mail.ru

Tuproq sho‘rlanishi qishloq xo‘jaligi ekinlari mahsuldorligini cheklovchi asosiy abiotik omillardan biri bo‘lib, dunyodagi sug‘oriladigan yerlarning katta qismiga salbiy ta’sir ko‘rsatmoqda. G‘o‘za (*Gossypium spp*.) nisbatan sho‘rga chidamli ekin hisoblansa-da, yuqori tuz konsentratsiyasi urug‘ unishi, o‘sish va rivojlanish, fotosintez samaradorligi hamda tola hosildorligining pasayishiga olib keladi. Shu sababli sho‘rlanishga chidamlilikning fiziologik va molekulyar mexanizmlarini chuqur o‘rganish dolzarb vazifalardan biri hisoblanadi. So‘nggi yillarda metabolomika texnologiyalarining jadal rivojlanishi o‘simliklarda stress ta’sirida sodir bo‘ladigan biokimyoviy o‘zgarishlarni kompleks baholash imkoniyatini yaratdi. Metabolomik yondashuv yordamida yuzlab va minglab birlamchi hamda ikkilamchi metabolitlar bir vaqtning o‘zida aniqlanib, ularning stressga javob reaksiyalaridagi o‘rni tizimli ravishda tahlil qilinmoqda. Zamonaviy tadqiqotlar sho‘rlanish ta’sirida g‘o‘za hujayralarida uglevod, aminokislota, lipid va ikkilamchi metabolitlar almashinuvi keng ko‘lamda qayta tashkil etilishini ko‘rsatadi.

Sho‘r stressning dastlabki bosqichida osmotik muvozanat buzilib, reaktiv kislorod shakllarining hosil bo‘lishi kuchayadi. Bu esa oqsillar, lipidlar va nuklein kislotalarining oksidlanishiga sabab bo‘ladi. Bunday sharoitda antioksidant himoya tizimi faollashib, hujayralarda oksidlanish-qaytarilish muvozanatini saqlashga xizmat qiladi. Metabolomik tahlillar sho‘rlanish sharoitida prolin, glitsin-betain, eruvchan qandlar, organik kislotalar, fenol birikmalari va flavonoidlar miqdorining

ortishi stressga moslashishning muhim qismi ekanligini ko‘rsatadi. Prolin osmotik bosimni me’yorlashtirish, hujayra membranalari va oqsillarni barqarorlashtirish hamda erkin radikallarni zararsizlantirishda ishtirok etadi. Glitsin-betain fotosintetik apparatning barqarorligini ta’minlasa, eruvchan qandlar energiya manbai sifatida xizmat qilish bilan birga stress signallarini boshqarishda ham ishtirok etadi. Qiyosiy tadqiqotlar madaniy va yovvoyi g‘o‘za turlari o‘rtasida metabolik javob reaksiyalarida farqlar mavjudligini ko‘rsatadi. Yovvoyi turlarda ayrim osmoprotektorlar va antioksidant tizim komponentlarining tezroq faollashishi ularning yuqori stressbardoshligini ta’minlaydi. Shu bois yovvoyi turlar seleksiya ishlarida qimmatli genetik manba sifatida katta ahamiyatga ega.

Bugungi kunda metabolomika natijalarini transkriptomika, proteomika va genomika ma’lumotlari bilan integratsiya qilish sho‘rlanishga chidamlilikning molekulyar asoslarini yanada to‘liq ochib berish imkonini bermoqda. Bu yondashuvlar stressga chidamlilik biomarkerlarini aniqlash, metabolik injeneriya usullarini rivojlantirish va iqlim o‘zgarishi sharoitiga mos, yuqori hosildor g‘o‘za navlarini yaratish uchun muhim ilmiy asos bo‘lib xizmat qiladi.

O‘ZBEKISTON SHAROITIGA INTRODUKSIYA QILINGAN GOLUBIKA (*VACCINIUM* L.) NAVLARINING MORFOLOGIK XUSUSIYATLARI

Safiullina A.K., Ernazarova D.Q., Kushanov F.N.

O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genetika va o’simliklar eksperimental biologiyasi institute.
e-mail: asiyasafiullina@gmail.com

So‘nggi yillarda tabiiy oziq-ovqat mahsulotlariga bo‘lgan talab yildan-yilga oshib bormoqda. Ayniqsa, *Vaccinium* L. turkumiga mansub golubika turlari yuqori ozuqaviy va dorivor qiymatga ega bo‘lib, tarkibida antioksidant faolligi yuqori bo‘lgan fenolik birikmalar va boshqa biologik faol ikkilamchi metabolitlarning

ko‘pligi bilan ajralib turadi. Bu turlar Antarktika va Avstraliyadan boshqa butun dunyoda keng tarqalgan. Golubika turlari asosan oziq-ovqat sifatida yangi uzilgan, muzlatilgan yoki qayta ishlangan shaklda, shuningdek, sharbatlar, murabbolar va pishiriqlar tarkibida iste’mol qilinadi.

Tadqiqotni asosiy maqsadi O‘zbekistonning tuproq-iqlim sharoitida golubika (*Vaccinium* L.) navlarining morfologik belgilarini tahlil qilishdan iborat.

Tadqiqot obyekti sifatida O‘zbekiston sharoitiga introduksiya qilingan golubikaning 3 yillik Denise Blue, Aurora, Bluecrop, Bluegold, Sweet Heart, Top Shelf, Toro va O’neal navlari tanlab olindi. Tadqiqot ishlarida olib borilgan barcha statistik tahlillar OriginPro 2021 dasturida One-way ANOVA (bir omilli anova) usuli yordamida amalga oshirildi.

Tadqiqot natijalari va ularning tahlili. O‘zbekiston sharoitiga introduksiya qilingan golubika navlarida morfologik: poya uzunligi (sm), barg plastinkasi o‘lchamlari (kengligi, uzunligi (sm)), meva soni, meva diametri va uzunligi (sm) kabi belgilar tahlil qilindi. O‘tkazilgan tahlil natijalariga ko‘ra, navlar o‘rtasida bir qancha morfologik belgilar bo‘yicha sezilarli farqlar kuzatildi.

Unga ko‘ra, navlar o‘rtasida poya uzunligi belgisi bo‘yicha yuqori ko‘rsatkich Bluegold (59,8±1,65 sm) navida, nisbatan past bo‘yli namunalarga esa Denise Blue (38,3±1,14 sm) va Aurora (40,5±2,45 sm) navlarida qayd etildi. Poya uzunligi belgisining variatsiya koeffitsientining Sweet Heart (V=1%) va Toro (V=1,56%) navlarida nisbatan barqarorligini, Bluecrop (V=4,89%) va Aurora (V=6,04%) navlarida tashqi muhit omillariga nisbatan sezgirligi ma’lum bo‘ldi. Barg plastinkasi kengligi yuqori bo‘lgan namunalarga Topo (5,6±0,08) va Svitxart (4,5±0,08) navlarida qayd etilgan bo‘lsa, eng past ko‘rsatkichlar Denis Blyu, Blyugold (3,0±0,05) va O’Neal (2,8±0,06) navlarida kuzatildi.

Barg plastinkasining uzunligi bo‘yicha esa Topo (7,6±0,1), Top Shelf, Blyukrop va Avrora navlarida yuqori ko‘rsatkichlar, Svitxart (5,2±0,14), Blyugold va Denis Blyu navlarida esa past ko‘rsatkichlarga ega ekanligi ma’lum bo‘ldi.

Meva diametri bo‘yicha Top Shelf va O’Neal navlarida (1,13±0,03 sm) boshqa namunalarga nisbatan kengroq bo‘lib, Denise Blue va Aurora (0,73±0,06 sm) navlarida esa past ko‘rsatkichlar qayd etildi. Meva uzunligi bo‘yicha Top Shelf (1,36±0,06 sm), O’Neal va Bluegold navlari uzunchoq shaklga ega bo‘lsa, Aurora va Denise Blue navlarida meva o‘lchamlari kichikligi aniqlandi.

Xulosa sifatida shuni ta’kidlash mumkinki, mevaning biometrik ko‘rsatkichlariga ko‘ra Top Shelf va O’Neal navlari eng yuqori natijalarni namoyon etdi. Denise Blue va Aurora navlarida esa meva o‘lchamlarining nisbatan past ko‘rsatkichlari qayd etildi.

Olingan natijalar introduksiya qilingan golubika navlarining O‘zbekistonning tuproq-iqlim sharoitlariga turlicha moslashishini ko‘rsatib, istiqbolli navlarni tanlash hamda seleksiya dasturlarida foydalanish uchun muhim ilmiy asos yaratadi. Shu bilan birga, yirik mevali, yuqori ta’m sifatiga ega va shirin etli golubika navlarini yaratish ham dolzarb ilmiy-amaliy ahamiyat kasb etadi. Ammo mazkur natijalar dastlabki ma’lumotlar hisoblanadi. Shuning uchun, navlarning introduksiya sharoitlariga moslashish darajasi, biologik xususiyatlari va xo‘jalik jihatdan qimmatli belgilarining barqarorligini to‘liq baholash maqsadida ko‘p yillik morfobiologik kuzatuvlarni davom ettirish zarur.

TOLA CHIQIMI KO‘RSATKICHLARINI IRSIYLANISHI VA O‘ZGARUVCHANLIGI

[1]Safiullina A.K., [1]Ernazarova D.Q., [2]Amanboyeva R.S., [1,2]Kushanov F.N.

[1]O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genetika va o’simliklar eksperimental biologiyasi institute;
[2]Mirzo Ulug‘bek nomidagi O‘zbekiston Milliy Universiteti,
e-mail: asiyasafiullina@gmail.com

Paxta tolasi asosan ip yigirishda shuningdek, to‘qimachilik sanoatida mato ishlab chiqarishda keng qo‘llaniladi. Qurg‘oqchil va yarim qurg‘oqchil hududlarda yetishtiriladigan g‘o‘za turlari 120 dan ortiq davlatlarda, tropik va subtropik mintaqalarda tarqalgan. O‘rta tolali g‘o‘za (*G.hirsutum* L.) boshqa to‘rtta madaniy g‘o‘za turlariga nisbatan har xil atrof-muhitga moslashuvchanligi va yuqori hosildorligi bilan jahon paxta yetishtirish hajmining qariyb 95% ini tashkil qiladi. Shu sababli, boshqa madaniy turlarga qaraganda, hosildorlik, tola sifati, hasharotlarga chidamlilik va qurg‘oqchilikka bardoshlilik bilan bog‘liq seleksiya hamda takomillashtirish dasturlarining aksariyati asosan o‘rta tolali g‘o‘zaga qaratilgan. G‘o‘zada hosildorlik bilan bog‘liq barcha belgilar bir-biri bilan shunday bog‘langanki, bir belgining ortishi yoki kamayishi boshqalariga bevosita ta‘sir qiladi. Shuning uchun, ushbu belgilar orasidagi genotipik va fenotipik korrelyatsiyani baholash seleksiya dasturlarini boshlashda yordam beradi.

Tadqiqot ishining maqsadi *G. hirsutum* L. turichi F_3 duragaylarida tola chiqimi belgisining irsiylanishi va o‘zgaruvchanligini tahlil qilishdan iborat.

Tadqiqot namunalari sifatida *G. hirsutum* L. madaniy ssp. *euhirsutum* Omad navi va var. *religiosum* shakllari hamda ularni turichi duragaylash natijasida olingan quyidagi F_3 duragay avlodlari tanlab olindi: var. *religiosum* × ssp. *euhirsutum* Omad navi (A-6, A-38, A-51, A-95, A-175) va ssp. *euhirsutum* Omad navi × var. *religiosum* (C-106, C-131, C-140, C-174).

Tadqiqot ishlarida olib borilgan barcha statistik tahlillar OriginPro 2021 dasturiy paketi yordamida bir faktorli dispersiya tahlili (one-way ANOVA) asosida amalga oshirildi.

Tadqiqot natijalari va ularning tahlili. Tadqiqotlar O‘zR FA Genetika va o‘simliklar eksperimental biologiyasi instituti “O‘simliklar genom tadqiqotlari” laboratoriyasi dala tajriba maydonida olib borildi. Ota-ona va duragay avlodlari uzunligi 10 metr bo‘lgan bitta qatorga 70×20 sm sxemasida ekildi.

Tadqiqotlar davomida ota-ona va duragay avlodlarda tola chiqimi belgisining belgisining irsiylanishi va o‘zgaruvchanligi tahlil qilindi. Unga ko‘ra, madaniy ssp. *euhirsutum* Omad navida ushbu ko‘rsatkich o‘rtacha 40,7% ni tashkil etib, o‘zgaruvchanlik amplitudasi 34,1-43,0% oralig‘ida kuzatildi. Var. *religiosum* da o‘rtacha 33,3% bo‘lib, o‘zgaruvchanlik amplitudasi 20,8-40,4% ni tashkil etdi. Shuningdek, F_3 duragay avlodlarida tola chiqimi belgisi bo‘yicha statistik ko‘rsatkichlar tahlil qilindi.

Tola chiqimi ko‘rsatkichlari bo‘yicha o‘tkazilgan tahlillar F_3 duragaylari orasida ushbu belgining keng diapozonda o‘zgarishini qayd etdi. Jumladan, C-106 (37,0±0,54%) va C-140 (36,7±0,53%) duragay o‘simliklarida eng yuqori ko‘rsatkichlar qayd etilgan bo‘lsa, C-131 (28,6±0,93%) va C-174 (28,8±0,73%) namunalarida nisbatan past natijalar aniqlandi. Bundan tashqari belgining irsiylanishida variatsiya koeffitsientining ayrim duragay namunalarida (A-6 V=20,5%, C-131 V=20,0%) oshganligi ham ma’lum bo‘ldi. Bu esa o‘z navbatida tola chiqimi belgisining kuchli genetik ajralish jaroyonida ekanligini bildiradi. Nisbatan past variatsiya koeffitsientlari (A-175 V=4,81%, C-106 V=6,75%) belgining gomogen holatiga yaqinligi va tashqi muhit omillariga nisbatan barqaror ekanligini anglatadi.

Xulosa sifatida shuni aytish joizki, tadqiqot natijalariga ko‘ra, tola chiqimi yuqori bo‘lgan C-106 (37,0%) va A-175 (36,0%) duragay namunalari seleksiya dasturlarida istiqbolli boshlang‘ich manba sifatida foydalanish imkoniyatini beradi.

ARPADA (*HORDEUM VULGARE* L.) QURG‘OQCHILIKKA CHIDAMLILIKNI BAHOLASHDA MOLEKULYAR MARKERLAR VA STRESSGA JAVOB GENLARNING AHAMIYATI

[1]Salimova S.Sh., [1,2]Rasulova G.U., [1]Erjigitov D.Sh., [1]Kushanov F.N.

[1]O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genetika va o’simliklar eksperimental biologiyasi institute;
[2]Mirzo Ulug‘bek nomidagi O‘zbekiston Milliy Universiteti.
e-mail: sshodmonovna11@gmail.com

Qurg‘oqchilik arpa (*Hordeum vulgare* L.) hosildorligi va don sifatini cheklovchi asosiy abiotik omillardan biridir. Suv tanqisligi genotip, rivojlanish bosqichi, stress davomiyligi va intensivligiga qarab turlicha namoyon bo‘ladi. Vegetativ fazada barg yuzasi, ildiz-poya o‘sishi va fotosintez jarayoni pasaysa, reproduktiv fazada boshoq shakllanishi, don soni va vazni kamayadi. Qurg‘oqchilikka chidamlilik xususiyati poligen bo‘lib, shuningdek, muhit bilan kuchli bog‘liq belgi bo‘lgani uchun uni faqat fenotipik ko‘rsatkichlar orqali baholash yetarli emas. Hozirgi vaqtda molekulyar markerlar va stressga javob beruvchi genlarni chidamli genotiplarda erta aniqlash seleksiya uchun ilmiy asoslangan material tanlash imkonini beradi.

Tadqiqot ishining asosiy maqsadi arpada qurg‘oqchilikka chidamlilikni baholashda molekulyar markerlar, markerlarga asoslangan seleksiya va stressga javob genlarining ahamiyatini tahlil qilishdan iborat.

Tadqiqot obyekti sifatida mahalliy arpa navlari tanlab olindi va qurg‘oqchilikka chidamlilik, molekulyar markerlar, markerlarga asoslangan

seleksiya, metabolomik stress javobi hamda *HvABI5* geni bo‘yicha ma’lumotlar tahlil qilindi.

Molekulyar markerlar ma’lum genom hududini belgilovchi genetik nishon vazifasini bajaradi. Gen spetsifik markerlarning seleksion qiymati ularning nomzod genga yaqinligi, turli genotiplarda barqarorligi va stress sharoitida fenotipik belgi bilan bog‘liqligi orqali aniqlanadi. Tadqiqotlarga ko‘ra, qurg‘oqchilik ta’siriga moslashishda muhim ahamiyatga ega bo‘lgan bir qancha *QTL*lar va genlar arpaning 4H xromosomasida xaritalangan. Qurg‘oqchilikka chidamlilik bilan genetik bog‘langan SSR markerlar Bmag808, EBMAC624, WMS6 va BMAC0577 ekanligi aniqlangan. Ilmiy manbalarga ko‘ra, ayrim markerlar fenologik belgi va xususiyatlarga bog‘lab o‘rganilgan. Masalan, GBM1462 markeri 2H xromosomasida joylashgan bo‘lib, ildiz massasi, suvni saqlash va prolin miqdori bilan, EBmac0755 (7H) so‘lish va barg suv miqdori, GBMS183 (7H) biomassa va prolin to‘planishi, Bmag0872 (1H) va Bmag0853 (3H) ildiz massasi va prolin, Bmag0135 (7H) barg tarkibidagi suv miqdori va prolin, GBM1012 (2H) va Bmac0316 (6H) ildiz massasi va osmotik potensial, Bmac0096 (5H) so‘lish va ildiz massasi, GBMS046 (3H) so‘lish va yer ustki biomassa bilan genetik bog‘langanligi tahlil qilingan. Qurg‘oqchilikka javob genlari orasida ABA-signal yo‘li muhim o‘rin tutadi. Suv tanqisligi sharoitida ABA miqdori ortib, *PYR/PYL/RCAR* retseptorlari, PP2C fosfatazalari, SnRK2 kinazalari hamda ABI5 va ABF/AREB turidagi bZIP transkripsion omillari orqali stressga javob genlari faollashadi. Bu jarayon stomatal yopilish, suvni tejash, fotosintezni moslashtirish va himoya oqsillarini sintez qilish bilan bog‘liq. *LEA* va degidrin oqsillari membrana hamda oqsillar barqarorligini saqlashga yordam beradi. *DREB/CBF*, *NAC*, *MYB/MYC*, *bZIP* va *WRKY* transkripsion omillari stress javobining keng genetik tarmog‘ini boshqaradi. *P5CS, NCED, SOD, CAT* va *APX* genlari ham muhim molekulyar nishonlar hisoblanadi. Ilmiy ma’lumotlarga ko‘ra, *HvABI5* geni fotosintez, stomatal

javob, stresslarga, gullash regulyatorlari va hosil shakllanishi bilan bog‘liqligini ko‘rsatadi. Metabolomik tadqiqotlarda prolin, eruvchan shakarlar, organik kislotalar va reaktiv kislorod turlarini zararsizlantirishda ishtirok etuvchi birikmalar genotipga bog‘liq o‘zgarishi aniqlangan. Bu molekulyar markerlarni biokimyoviy va fiziologik belgilar bilan birgalikda baholash zarurligini ko‘rsatadi. Arpada qurg‘oqchilikka chidamlilikni ishonchli baholash uchun molekulyar markerlar va stressga javob genlarini kompleks tahlil qilish zarur. Markerlar nomzod genlarga yaqinligi, qurg‘oqchilik sharoitida ekspressiyasi va hosil komponentlari bilan bog‘liqligi bo‘yicha tasdiqlangandagina seleksiyada foydali hisoblanadi. Mahalliy arpa navlarida ushbu markerlar hamda genlar asosida skrining o‘tkazish chidamli genotiplarni tanlashda muhim ilmiy-amaliy ahamiyatga ega.

GOSSYPIUM HIRSUTUM L. O‘SIMLIGIDA FAR1-RELATED SEQUENCE (FRS) GENLARINING YORUG‘LIK SIGNALIGA JAVOB MEXANIZMI

[1,2]Sharifjonov A.A., [1]Usmanov D.E., [1]Xusanbayeva Sh.R., [1,2]Ergasheva S.I., [1,2]Murodullayeva N.O., [1,2]Nuriddinova M.T., [1]Buriev Z.T.

[1]O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genomika va bioinformatika markazi;
[2]O‘zbekiston Milliy universiteti.
e-mail: abrorbeksharifjonov9@gmail.com

O‘simliklarning o‘sishi va rivojlanishi tashqi muhit omillariga, xususan yorug‘lik signallariga bevosita bog‘liqdir. Yorug‘lik nafaqat fotosintez jarayonini ta’minlaydi, balki o‘simlikning morfologik shakllanishi, vegetativ rivojlanishi va gullash vaqtini ham boshqaradi. Yorug‘lik signallari maxsus fotoretseptorlar — fitoxromlar, kriptoxromlar va fototropinlar — orqali qabul qilinadi va hujayra ichidagi signal uzatish zanjirlari orqali genlar ekspressiyasini o‘zgartiradi. Natijada o‘simlikda fenotipik javoblar, jumladan poya cho‘zilishi, barg o‘lchami va gullash bosqichlari shakllanadi.

Fitoxrom signal uzatish yo‘llarining quyi bosqichlarida FAR1-RELATED SEQUENCE (FRS) genlar oilasi vakillari transkripsion regulyator sifatida faoliyat yuritadi. Model o‘simlik *Arabidopsis thaliana*da olib borilgan tadqiqotlar shuni ko‘rsatadiki, FRS genlari fotoperiodik signal uzatish tizimi bilan bevosita bog‘liq. Ularning yuqori darajada ekspressiyalanishi vegetativ o‘sish davrining uzayishi va gullashning kechikishi bilan tavsiflanadi. Aksincha, gen funksiyasi pasaytirilgan yoki mutatsiyaga uchragan holatlarda erta gullash va gipokotil uzunligining ortishi kuzatiladi. Fotoperiodik signal uzatish jarayonida PIF4 va GIGANTEA genlari FRS bilan bog‘liq murakkab tarmoqni tashkil qiladi. Transkripsion faktor sifatida PHYTOCHROME INTERACTING FACTOR 4 (PIF4) PIF4 fitoxromlar orqali keladigan yorug‘lik signalini qabul qilib, o‘sish va morfologik javoblarini tartibga solishda ishtirok etadi. Shuningdek gipokotil uzayishi va termomorfogenezga ta’sir qiladi va o‘simlikning qishloq sharoitiga moslashuvchanligini oshiradi. FRS genlari ekspressiyasi pasayganda PIF4 faolligi ortadi, bu esa erta gullash va gipokotil cho‘zilishi kabi fenotipik javoblarga olib keladi.

Fotoperiodik signal uzatishda muhim rol o‘ynaydigan regulyator GIGANTEA (GI) gullash vaqtini aniqlash va FLOWERING LOCUS T (FT) genini ishlab chiqarishni tartibga soladi. FRS genlarining pasayishi GI ekspressiyasining oshishiga olib keladi, natijada fotoperiodga bog‘liq gullash jarayoni tezlashadi. Shu bilan birga GI, o‘simlikning biologik ritmi va vegetativ rivojlanishning muvozanatini saqlashda ham ishtirok etadi. Bu ma’lumotlar shuni ko‘rsatadiki, FRS genlari GI va PIF4 genlari faoliyati bilan o‘zaro bog‘liq murakkab tarmoq hosil qiladi va gullash va o‘sish jarayonlarini repressiv regulyator sifatida boshqaradi.

Gossypium hirsutum o‘simligida FRS genlarining funksional rolini aniqlash gullash vaqtining genetik boshqaruv mexanizmlarini chuqurroq tushunishga, vegetatsiya davrini optimallashtirishga hamda hosildor va ekologik

sharoitlarga mos navlarni yaratishga ilmiy asos beradi. Ushbu tadqiqot fundamental molekulyar biologiya va qishloq xo‘jaligi biotexnologiyasi yo‘nalishlari uchun muhim nazariy hamda amaliy ahamiyatga ega bo‘ladi.

O‘ZBEKISTONDA EKILAYOTGAN YUMSHOQ BUG‘DOY NAVLARIDA SARIQ ZANG KASALLIGINI DALA SHAROITIDA FENOTIPIK BAHOLASH

Shokirova D.Sh., To‘raqulov X.S., Meliev S.K., Bozorov T.A., Aytenov I.S., Dolimov A.A., Ochilov B.O., Xalilellayeva G.O.,Murodova S.M., Mardonova M.R.

O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genetika va o’simliklar eksperimental biologiyasi instituti.
e-mail: igebr_anruz@mail.ru

O‘zbekistonda ekilayotgan yumshoq bug‘doy navlarida sariq zang kasalligini dala sharoitida fenotipik baholash ishlari olib borildi. Tadqiqotda ICARDA xalqaro tashkilotida barpo qilingan YRTN ko‘chatzorining sariq zang kasalligiga javob beradigan genlari aniq bo‘lgan differensiator va izogen liniyalaridan 39 ta va O‘zbekistonda ekilayotgan bug‘doy navlardan 29 tasidan foydalanildi.

2024-yili ob-havoning bahor oylarida yog‘ingarchilik ko‘p bo‘lgani, havo harorati nisbatan past bo‘lganligi, dala sharoitida virulent patotiplarning faol bo‘lganini ko‘rsatdi. 2024 yil natijalariga ko‘ra, genotiplarning asosiy qismi o‘rta sezgir (MS) guruhiga mansub bo‘lib, ularning soni 36 tani tashkil etdi. Kuchli sezuvchan (S) genotiplar soni esa 18 ta bo‘lib, bu umumiy namunalar orasida yuqori ulushni egallagan. O‘rta chidamli (MR) genotiplar soni nisbatan kam — 6 ta, to‘liq chidamli (R) genotiplar esa atigi 1 tani tashkil etgan. Immun (0) holatdagi genotiplar soni 7 ta bo‘lib, bu yuqori samarali chidamlilik genlari mavjudligini ko‘rsatadi.

2025-yilda yog‘ingarchilik nisbatan kam, quruq havo kuzatildi. Bug‘doyning gullash, sut pishish hamda mum pishish bosqichlari tez amalga oshganligi sababli 2024-yilga nisbatan bug‘doy oldinroq pishdi va zararlanish kamroq bo‘ldi. 2025 yil natijalarida esa ijobiy o‘zgarishlar kuzatildi. Xususan, sezuvchan genotiplar soni keskin kamayib, 18 tadan 7 taga tushgan. Bu esa umumiy chidamlilik darajasining oshganidan dalolat beradi. Shu bilan birga, o‘rta chidamli genotiplar soni 6 tadan 13 taga ortgan, ya’ni ikki barobardan ko‘proq ko‘paygan. Bu holat genotiplarning ma’lum qismi o‘rta darajadagi chidamlilikka o‘tganini ko‘rsatadi. O‘rta sezgir genotiplar soni 36 tadan 39 taga biroz oshgan bo‘lsa-da, bu guruh hali ham asosiy ulushni egallab turibdi. Chidamli genotiplar soni o‘zgarmagan (1 ta), immun (0) genotiplar esa 7 tadan 8 taga ortgan.

Xulosa qilib aytganda, Fenotipik baholash natijalari genetik marker tahlillari bilan birgalikda olib borilganda, seleksiya uchun eng istiqbolli genotiplarni ajratib olish imkonini beradi. Fenotipik baholashning muhim tomoni shundaki, bu usul real ekologik sharoitda genotiplarning kasallik bosimiga javob reaksiyasini bevosita kuzatish imkonini beradi.

YUMSHOQ BUG‘DOY (*TRITICUM AESTIVUM* L.) NAV VA LINIYALARIDA POYA MUSTAHKAMLIGINING MOLEKULYAR-ANATOMIK VA GENETIK XUSUSIYATLARI

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

O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genetika va o’simliklar eksperimental biologiyasi instituti;
Toshkent Davlat Tibbiyot Universiteti.
e-mail: info@tma.uz

Insoniyatni oziq-ovqat bilan ta’minlashda strategik ahamiyatga ega bo‘lgan yumshoq bug‘doy (*Triticum aestivum* L.) hosildorligini cheklovchi asosiy omillardan biri ekinning yotib qolishidir. Bu muammoni oldini olishda an’anaviy

seleksiya asosan poya balandligini qisqartiruvchi *Rht* (Reduced height) genlarini joriy etishga tayanib kelgan. Biroq, o‘simlik bo‘yini haddan tashqari qisqartirish biomassa va qurg‘oqchilikka chidamlilikning pasayishiga olib kelishi mumkin. Shundan kelib chiqib, biz o‘z ishimizda yotib qolishga chidamlilik xususiyatini shunchaki bo‘y ko‘rsatkichi sifatida emas, balki poyaning anatomik o‘ziga xosliklari, ayniqsa, bo‘g‘imlararo masofaning shakllanishi va buni boshqaruvchi genetik tizimlarni aniqlash bilan bog‘liq holda, kompleks ravishda o‘rganishni maqsad qilib oldik.

Tadqiqotlarimizda o‘rganilayotgan belgilarning irsiylanish qonuniyatlarini aniqlash maqsadida yotib qolishga chidamli, mahalliy sharoitga moslashgan yumshoq bug‘doy navlari hamda seleksion-genetik qiymati yuqori, biroq yotib qolishga moyil bo‘lgan sintetik liniyalar ishtirokida 14 ta chatishtirish kombinatsiyasi amalga oshirildi. Tajriba sxemasiga sitoplazmatik irsiylanish ehtimolini va onalik effektini baholash imkonini beruvchi ikki xil resiprok chatishtirishlar tizimi kiritildi. Dala sharoitida yetishtirilgan ota-ona shakllari va ularning duragay avlodlaridan poyaning anatomik tahlili uchun poyaning eng pastki 1-2 bo‘g‘imlaridan namunalar olindi hamda mikroskop ostida ko‘ndalang kesimlari o‘rganildi.

Olingan ma’lumotlarning genetik-statistik tahlili F_1 duragay avlodlarida poya bo‘g‘imlararo masofasining uzunligi hamda sklerenxima qavati qalinligi bo‘yicha keng doiradagi irsiy o‘zgaruvchanlikni namoyon etdi. Shuningdek, mikroskopik kesimlar tahlili shuni ko‘rsatdiki, yotib qolishga yuqori chidamlilik ko‘rsatgan duragaylarda poyaning mexanik mustahkamligini ta’minlovchi sklerenxima to‘qimasi qalinroq va parenxima hujayralari zichroq joylashgan bo‘lib, bu ko‘rsatkichlar bo‘yicha chidamli ota-ona shakllariga nisbatan ijobiy transgressiv gibridlar shakllanganligi qayd etildi. Bu esa poyaning mexanik mustahkamligi shakllanishida genlarning o‘zaro qo‘shiluvchi (additiv) ta’siri yuqori ekanligini

ko‘rsatadi. Shu bilan birga, SSR (Simple Sequence Repeat) markerlari yordamida o‘tkazilgan skrining natijasida, bo‘g‘imlararo masofa uzunligi va uning anatomik tuzilishi o‘zgarishiga ta’sir etuvchi o‘ziga xos QTL (Quantitative Trait Loci) sohalarining polimorfizmi aniqlandi. Olingan natijalar, poya tuzilishi va mustahkamligi uchun javobgar bo‘lgan genlar resiprok gibridlarda sezilarli farq qilmaganligi sababli, asosan yadro genomi nazorati ostida irsiylanishini tasdiqladi.

Shunday qilib, yumshoq bug‘doyda yotib qolishga chidamlilikni faqatgina *Rht* genlari hisobiga bo‘yni qisqartirish orqali emas, balki bo‘g‘imlararo masofaning anatomik-mexanik xususiyatlarini optimallashtirish va ularni boshqaruvchi genetik tizimlarni aniqlash orqali muvaffaqiyatli boshqarish mumkin. Ushbu tadqiqotda aniqlangan molekulyar va anatomik ko‘rsatkichlar kelgusida bug‘doyning yotib qolishga kompleks chidamli bo‘lgan yuqori mahsuldor yangi liniyalarini yaratishda markerlarga asoslangan seleksiya (MAS) dasturlari uchun ishonchli nazariy va amaliy asos bo‘lib xizmat qiladi.

INULA HELENUIM DORIVOR O‘SIMLIGIDAN AJRATILGAN *BREVIBACILLUS PANACIHUMI* – UZMU 26 BAKTERIYA SHTAMMINING MOLEKULYAR-GENETIK TAHLILI

[1]Tagayeva L.X., [2]Jabbarov Sh.Sh., [3]Bozorov N.I., [1]Normurodova Q.T.

[1]O‘zbekiston Milliy universiteti;
[2]Chorvachilik va parrandachilik ilmiy-tadqiqot instituti;
[3]O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Polimerlar kimyosi va fizikasi instituti.
e-mail: tagaevaluiza646@gmail.com

O‘zbekistonning tog‘li hududlarida o‘sadigan *Inula helenium* L. dorivor o‘simligining tarkibidagi ichak mikrobiotasini modulyatsiyalovchi fruktooligosaxaridlar va hazmni yaxshilaydigan, erkin radikallarni neytrallaydigan va immunitetni rag‘batlantiruvchi immunomodulyator polisaxaridlari yuqoriligi bilan xalq tabobatida keng qo‘llaniladi. Xususan, I.*helenium*ning barg bandi

tarkibida biologik faol moddalari ko‘p bo‘lib, xalq tabobatida nafas yo‘llari, oshqozon-ichak va yallig‘lanish kasalliklarini davolashda keng qo‘llaniladi.

Shunga ko‘ra, Inula helenuim dorivor o‘simligidan bakteriya izolyati ajratish va ularni molekulyar-genetik tahlil qilsh tadqiqot maqsadi qilib olindi.

Tadqiqot ob’ekti hisoblangan *Brevibacillus panacihumi* bakteriya izolyati molekulyat-genetik usuli yordamida identifikatsiya qilindi. Bunda, tadqiqot ob’ekti go‘sht peptonli suyuq ozuqa muhitda 1,5 kun davomida 37^{o}C o‘stirildi. “Thermo Scientific™ NanoDrop™ Eight Spectrophotometer” distillangan suv bilan yuvildi va NanoDrop™ Eight Spectrophotometer blanking qilindi. Blanking jarayoni tugagandan keyin 2mkl dan DNK namunalari olinib, NanoDrop™ Eight Spectrophotometer yordamida tekshirildi. NanoDrop™ Eight Spectrophotometer DNK va erituvchining nur yutish kuchiga qarab DNK miqdorlari mg\ml, nur yutishi A260/280, A280/A260 hajmiga nisbatan o‘lchandi. Praymerlar dizayn qilish bioinformatik va kompyuter dasturlari yordamida amalga oshiriladi, ular orasida genlari elayment CLUSTALW bioinformatik dasturi yordamida qilindi va konservativ qismlarini Primer 3 plus asosiy dastur yordamida Forward va Reverse praymerlari dizayn qilindi.

Inula helenium dorivor o‘simligining barg bandidan 4ta IH – BB1, IH – BB2, IH – BB3 va IH – BB4 bakteriya izolyatlari ajratilib, ularning morfo-kultural xususiyatlari bo‘yicha skriningi natijasida 1ta faol IH – BB2 bakteriya izolyati tanlab olindi. Tanlab olingan faol izolyat Maldi Tof yordamida identifikatsiya qilinib, IH – BB2 izolyati *Bacillus amyloliquefaciens* ekanligi aniqlandi hamda *Bacillus amyloliquefaciens*-IH 25 deb nomlandi. Maldi Tof yordamida aniqlangan *Bacillus amyloliquefaciens*-IH 25 bakteriya shtammi 16S rRNK standarti asosida molekulyar-genetik identifikatsiya qilindi va laboratoriya sharoitida genom DNK ajratib olindi.

Keyin, *Bacillus amyloliquefaciens*-IH 25 bakteriya shtammi Senger sekvenirlashda PZR mahsuloti tozalandi va uning konsentrasiyasi NanoDrop Eight fluorometri yordamida aniqlandi. Geldan tozalangan PZR mahsulotining konsentrasiyasi va sifat ko‘rsatkichlari NanoDrop Eight spektrofotometri orqali DNK miqdori 68.1 tashkil etdi. *Bacillus amyloliquefaciens*-IH 25 bakteriya shtammi 1444ta nukleotidlar ketma-ketligida sekvens qilinganida *Brevibacillus panacihumi* ekanligi aniqlandi va NCBI Genbankida PZ390112 raqami bilan *Brevibacillus panacihumi*-UzMU 26 bakteriya shtammi nomi bilan ro‘yxatdan o‘tkazildi.

Inula helenium dorivor o‘simligining barg bandiidan ajratilgan va skrining natijasida tanlab olingan IH-BB2 faol izolyati 16S rRNK standarti asosida molekulyar identifikatsiya qilindi. Natijada IH-BB2 izolyati *Brevibacillus panacihumi* ekanligi aniqlandi. *Brevibacillus panacihumi* bakteriyasi 1444ta nukleotidlar ketma-ketligida NCBI Genbankida PZ390112 raqami bilan *Brevibacillus panacihumi*-UzMU 26 bakteriya shtammi deb ro‘yxatdan o‘tkazildi.

BACILLUS SUBTILIS-IH 25 BAKTERIYA SHTAMMINING MOLEKULYAR-GENETIK TAHLILI

Tagayeva L.X.

O‘zbekiston Milliy universiteti, O‘zbekiston.
e-mail: tagaevaluiza646@gmail.com

Hozirgi vaqtda, dunyo miqyosida dorivor o‘simliklardan turli kasalliklarni davolashda ishlatiladigan biologik faol moddalarni ajratib olish, ularning tirik kulturalari asosida tayyorlangan ququq massalaridan probiotik sifatida tibbiyot, farmasevtika va chorvachilik sohalarida foydalanish bo‘yicha ilmiy-tadqiqot ishlari olib borilmoqda. Bunday dorivor o‘simliklardan biri *Inula helenium* L. - bo‘lib, uning tarkibidagi fruktooligosaxaridlar, ichak mikrobiotasini modulyatsiyalovchi,

yallig‘lanish mediatorlarini kamaytiradigan va hazmni yaxshilaydigan, antimikrob va antifungal faolliklari yuqoriligi bilan xalq tabobatida keng qo‘llaniladi. Ayniqsa, Inula heleniumning bargi va barg bandi tarkibida flavonoidlar, efir moylari va inulin kabi biologik faol moddalari ko‘p bo‘lib, xalq tabobatida nafas yo‘llari, oshqozon-ichak va teri kasalliklarini davolashda keng qo‘llanilib kelinmoqda.

Tadqiqotda Inula helenuim dorivor o‘simligidan ajratilgan endofit bakteriya izolyatini molekulyar-genetik tahlil qilshdan iborat.

Tadqiqot ob’ekti Bacillus subtilis bakteriya izolyati molekulyat-genetik usuli yordamida identifikatsiya qilindi. Bunda, tekshirilayotgan bakteriya izolyati go‘sht peptonli suyuq ozuqa muhitda 1,5 kun davomida 37oC o‘stirildi. “Thermo Scientific™ NanoDrop™ Eight Spectrophotometer” distillangan suv bilan yuvildi va NanoDrop™ Eight Spectrophotometer blanking qilindi. Blanking jarayoni tugagandan keyin 2mkl dan DNK namunalari olinib, NanoDrop™ Eight Spectrophotometer yordamida tekshirildi. NanoDrop™ Eight Spectrophotometer DNK va erituvchining nur yutish kuchiga qarab DNK miqdorlari mg\ml, nur yutishi A260/280, A280/A260 hajmiga nisbatan o‘lchandi. Praymerlar dizayn qilish bioinformatik va kompyuter dasturlari yordamida amalga oshiriladi, ular orasida genlari elayment CLUSTALW bioinformatik dasturi yordamida qilindi va konservativ qismlarini Primer 3 plus asosiy dastur yordamida Forward va Reverse praymerlari dizayn qilindi.

Inula helenium dorivor o‘simligining bargidan 5ta IH – B1, IH – B2, IH – B3, IH – B4 va IH – B5 bakteriya izolyatlari ajratilgan. Ajratib olingan bakteriya izolyatlarining morfo-kultural xususiyatlari bo‘yicha skriningi natijasida 1ta faol IH – B3 bakteriya izolyati tanlab olingan va Maldi Tof yordamida dastlabki identifikatsiya qilingan. Unga ko‘ra, IH – B3 izolyati Bacillus subtilis ekanligi aniqlanib, Bacillus subtilis-IH 25 deb nomlandi. Shunga qaramasdan, Maldi Tof yordamida aniqlangan Bacillus subtilis-IH 25 bakteriya shtammini to‘liq o‘rganish

maqsadida, 16S rRNK standarti asosida molekulyar-genetik identifikatsiya qilindi va laboratoriya sharoitida genom DNK ajratib olindi.

Keyin, Bacillus subtilis-IH 25 bakteriya shtammi Senger sekvenirlashda PZR mahsulotini tozalash va uning konsentrasiyasi NanoDrop Eight fluorometri yordamida aniqlandi. Bunda, geldan tozalangan PZR mahsulotining konsentrasiyasi va sifat ko‘rsatkichlari NanoDrop Eight spektrofotometri orqali DNK miqdori 74.9 tashkil etdi. *Bacillus subtilis*-IH 25 bakteriya shtammi 1445ta nukleotidlar ketma-ketligida NCBI Genbankida PZ593820 raqami bilan ro‘yxatdan o‘tkazildi.

Inula helenium dorivor o‘simligining bargidan ajratilgan va skrining natijasida tanlab olingan IH-B3 faol izolyati 16S rRNK standarti asosida molekulyar identifikatsiya qilindi. Natijada IH-B3 izolyati *Bacillus subtilis* ekanligi aniqlandi. *Bacillus subtilis* bakteriyasi 1445ta nukleotidlar ketma-ketligida NCBI Genbankida PZ593820 raqami bilan *Bacillus subtilis*-IH 25 bakteriya shtammi ro‘yxatdan o‘tkazildi.

MORPHOLOGICAL EFFECTIVENESS OF BIOPREPARATIONS UNDER SALT STRESS IN COTTON GENOTYPES

Tojiboeva D.I., Kamburova V.S., Salakhutdinov I.B., Mirzabaev D.A., Rajabov F.S., Shermatov Sh.E., Nazarova E.F., Bazarov D.K.

Center of Genomics and Bioinformatics of the Academy of Sciences of the Republic of Uzbekistan.
e-mail: venera.k75@gmail.com

Biopreparations are considered useful tools for improving plant performance under adverse conditions, but their efficacy depends on the plant genotype and stress intensity as well as on the preparation itself. This study compared the effects of microbial preparations on early cotton development under non-saline and saline conditions.

Germination time, germination energy, root length and shoot length were assessed in Ishonch and Porloq-1 at 0 and 150 mM NaCl after treatment with Mikrozim-1, Mikrozim-2, Rizokom-1, Rizokom-2 and Hosil. Multifactor analysis of variance, Tukey HSD comparisons, clustering and relative-change analysis against the corresponding controls were applied.

At 150 mM NaCl, both genotypes showed delayed germination and reduced germination energy, root length and shoot length, but the suppression was stronger in Ishonch. Porloq-1 retained a more stable morphological profile. Biopreparations reduced the magnitude of stress-related changes, with the most consistent effect observed for Rizokom-1. This preparation accelerated germination, increased germination energy and most reliably supported root and shoot elongation. Mikrozim-1 and Hosil also produced positive effects, although their magnitude depended on the trait and genotype.

Biopreparations modified the stress phenotype rather than eliminating the effect of NaCl. The relative response of Ishonch was often larger because treatment compensated for a greater initial growth deficit. In Porloq-1, the absolute effect was sometimes more moderate but remained stable, consistent with its higher baseline adaptive potential.

Rizokom-1 showed the strongest and most consistent morphological effectiveness under salt stress. Proper evaluation should consider preparation, genotype and salinity jointly, because absolute effect size and biological relevance are not interchangeable.

G‘O‘ZADA Na^+/H^+ ANTIPORTER GENLARINING SHO‘RLANISHGA CHIDAMLILIKDAGI MOLEKULYAR-GENETIK AHAMIYATI

[1]Toshboyeva M.J., [1]Arslanova S.K., [1,2]Xolova M.D., [1]Mamatqulova G.F., [1,3]Kushanov F.N.

[1]O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genetika va o’simliklar eksperimental biologiyasi instituti;
[2]Toshkent davlat tibbiyot universiteti Chirchiq filiali;
[3]O‘zbekiston milliy universiteti.
e-mail: malikatoshboyeva29@gmail.com

G‘o‘za hosildorligiga salbiy ta’sir ko‘rsatuvchi asosiy abiotik streslardan biri sho‘rlanish hisoblanadi. Na^+ ionlarining hujayrada ortiqcha miqdorda to‘planishi ion toksikligi va Na^+/K^+ muvozanatining buzilishiga olib keladi. Ushbu jarayonda Na^+/H^+ antiporter genlari muhim himoya mexanizmidir. Bunda *GhNHX1*, *GhSOS1* va *GbSOS1* genlari Na^+ ionini vakuolaga ajralishi va hujayradan tashqariga chiqarilishi bilan birga Na^+ gomeostazini boshqarish kabi muhim vazifalarni bajaradi

Sho‘rlanish qishloq xo‘jaligida tuproq unumdorligini pasartiruvchi va ekinlar hosildorligini cheklovchi ekologik omillardan biri hisoblanadi. G‘o‘za nisbatan sho‘rga chidamli o‘simlik bo‘lishiga qaramay dastlabki bosqichlarda urug‘ unishi, yosh nihol bosqichi, gullash va urug‘ tugish vaqtida sho‘rga nisbatan sezuvchan bo‘lishi mumkin. Sho‘r muhit sharoitida o‘simlik ildizlari tuproqdan suvni shimib olish jarayoni qiyin kechib, hujayralarda ionlar muvozanati buziladi hamda fotosintez jarayonining samaradorligi pasayadi.

Buning natijasida biomassaning kamayishi, barglarning sarg‘ayishi, gullashning kechikishi va hosildorlikning kamayishi kuzatiladi. Hujayra sitoplazmasida Na^+ ionlari miqdorining ortib ketishi natijasida NaCl bilan bog‘liq stres yuzaga keladi. Na^+ ionlari miqdorining normadan oshishi K^+ ionlari

muvozanatini o‘zgartirib, fermentlar faoliyati va hujayraning normal metabolik holati buzilishiga olib keladi.

Sho‘rga chidamli o‘simliklarda sitoplazmadagi Na^+ darajasini pasaytirishga qaratilgan maxsus molekulyar mexanizmlari mavjud bo‘lib, bu mexanizmlarning eng muhimlaridan biri Na^+/H^+ antiporterlari faoliyati bilan bog‘liq. Na^+/H^+ antiporterlar Na^+ ionlarini bir hujayra bo‘limidan boshqasiga ko‘chiruvchi membrana oqsillardir. G‘o‘zada bunday genlar orasida *GhNHX1*, *GhSOS1*, *GbSOS1* genlari muhim ilmiy ahamiyatga ega.

GhNHX1, *GhSOS1* va *GbSOS1* genlari umumiy jihatdan Na^+/H^+ antiporterlar guruhiga mansub bo‘lsa ham, ularning hujayrada joylashuvi va Na^+ ionlarining chiqarilish yo‘liga ko‘ra farqlanadi. *GhNHX1* geni protoplastda joylashib, sitoplazmadagi Na^+ ionlarini vakuolaga ajratadi. Shu yo‘l bilan sitoplazmadagi ion toksikligini kamaytiradi. Long va hammualliflari tomonidan *Gossypium* turlarida NHX gen oilasi o‘rganilib, *GhNHX1* ning tuz stressida ijobiy rol o‘ynagani va gen susaytirilganda g‘o‘za nihollarining sho‘rga sezgirligi ortganligi ko‘rsatilgan.

Xiaokang Fu va hammualliflari tadqiqotida esa *G. hirsutum, G. barbadense, G. raimondii va G.arboreumda* mos ravishda jami 23, 24, 12 va 12 ta NHX oilasi genlari aniqlanib, ushbu genlar tahlil qilinganda ularning joylashuvi va xromosomalardagi tarqalishi hamda genlar soni diploiddan tetraploid g‘o‘za turlariga evolutsiyada saqlanib qolganligi qayd etilgan. *GhSOS1* va *GbSOS1* genlari esa plazmatik membranada joylashib, Na^+ ionlarini hujayradan tashqariga chiqaradi hamda Na^+/K^+ muvozanatini saqlashga yordam beradi. Ushbu genlarning faoliyati sho‘r stressi vaqtida g‘o‘zada ion gomeostazi, osmotik muvozanat va hujayra metabolizmining barqarorligini ta’minlash bilan bog‘liq hisoblanadi.

NOK (*PYRUS SPP.*) MEVA SIFATI VA SAQLANUVCHANLIGI BILAN BOG‘LIQ NOMZOD GENLAR HAMDA ZAMONAVIY MOLEKULYAR SELEKSIYA YONDASHUVLARI

Turlibaeva Z.A., Shavkiev J.Sh.

O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genetika va o’simliklar eksperimental biologiyasi instituti.
e-mail:binazova.zarina@bk.ru

Nok (*Pyrus* spp.) dunyo bog‘dorchiligida iqtisodiy jihatdan muhim meva ekinlaridan biri hisoblanadi. Meva sifati va saqlanuvchanligi iste'molchilarning talabi hamda eksport salohiyatini belgilovchi asosiy omillardir. Ushbu tezisda nok meva sifati bilan bog‘liq nomzod genlar va zamonaviy molekulyar seleksiya yondashuvlari tahlil qilindi. Tadqiqotlar natijasida PbMYB10, PbSUT2, PbPG, PbCCR, PbCAD, PbLOX va PbFAD genlari meva rangi, shirinligi, qattiqligi, aroma hosil bo‘lishi hamda tosh hujayralar shakllanishida muhim rol o‘ynashi aniqlandi. Shuningdek, SSR, SNP, QTL, GWAS, genomik seleksiya va CRISPR/Cas texnologiyalarining yuqori sifatli, uzoq muddat saqlanuvchan va eksportbop nok navlarini yaratishdagi ahamiyati yoritildi.

Nok (*Pyrus* spp.) mevalarining sifati shirinlik, qattiqlik, rang, aroma va tosh hujayralar miqdori kabi murakkab belgilar bilan tavsiflanadi. Ushbu belgilar ko‘plab genlar va molekulyar mexanizmlarning o‘zaro ta'siri natijasida shakllanadi. So‘nggi yillarda genomika va transkriptomika sohalarida olib borilgan tadqiqotlar nok meva sifati bilan bog‘liq qator nomzod genlarni aniqlash imkonini berdi. Nok mevalarida qizil rang hosil bo‘lishi asosan PbMYB10 geni tomonidan boshqariladi. Ushbu gen antotsianlar biosintezini faollashtirib, meva po‘stining rang intensivligini belgilaydi. Meva shirinligi va uglevodlar almashinuvida PbSUT2 hamda PbSPS genlari muhim rol o‘ynaydi. Meva qattiqligi va teksturasi esa PbPG, PbPME va PbXTH genlari faoliyati bilan bog‘liq.

Nokning iste'mol sifatiga ta'sir qiluvchi muhim omillardan biri tosh hujayralar miqdori hisoblanadi. Tosh hujayralar hosil bo‘lishida lignin biosintezi bilan bog‘liq PbCCR, PbCAD va Pb4CL genlari ishtirok etadi. Bundan tashqari, meva aromasi shakllanishida PbLOX va PbFAD genlari muhim ahamiyat kasb etadi.

Hozirgi kunda nok seleksiyasida SSR, SNP, QTL va genom bo‘ylab assotsiativ tahlillar (GWAS) keng qo‘llanilmoqda. Genomik seleksiya (GS) va RNA-seq transkriptomik tahlillari murakkab belgilarni prognoz qilish va istiqbolli genotiplarni aniqlash imkonini bermoqda. Shu bilan birga, CRISPR/Cas genomni tahrirlash texnologiyalari meva sifati bilan bog‘liq genlarni maqsadli modifikatsiya qilish istiqbollarini ochmoqda. Mazkur molekulyar yondashuvlarning integratsiyalashgan holda qo‘llanilishi seleksiya jarayonini sezilarli darajada tezlashtiradi hamda yuqori sifatli genotiplarni dastlabki bosqichlarda aniqlash imkonini beradi. Natijada meva ta’mi, aromati, tosh hujayralar miqdori, saqlanuvchanligi va transportga chidamliligi kabi muhim xo‘jalik belgilariga ega yangi nok navlarini yaratish samaradorligi ortadi. Kelgusida molekulyar markerlar, genomik seleksiya, transkriptomika va genomni tahrirlash texnologiyalarini kompleks qo‘llash iqlim o‘zgarishlariga moslashgan, kasalliklarga chidamli, yuqori hosildor va eksport talablariga javob beradigan nok navlarini yaratishning muhim ilmiy asosini tashkil etadi.

Nok mevalarida sifat va saqlanuvchanlik bilan bog‘liq P*bMYB10, PbSUT2, PbPG, PbCCR, PbCAD, PbLOX va PbFAD* genlari seleksiya jarayonlarida muhim ahamiyatga ega. Zamonaviy molekulyar markerlar va genomik texnologiyalarni qo‘llash yuqori sifatli, uzoq muddat saqlanuvchan va eksportbop nok navlarini yaratishning samarali ilmiy asosini tashkil etadi. Shuningdek, ushbu genlarning allelik xilma-xilligini aniqlash hamda ularning meva sifati va saqlanuvchanlik ko‘rsatkichlari bilan bog‘liqligini o‘rganish seleksiya jarayonlarining aniqligi va samaradorligini oshirish imkonini beradi.

OLMA (*MALUS DOMESTICA BORKH*.) MEVA SIFATI BELGILARI BILAN BOG‘LIQ NOMZOD GENLAR VA MOLEKULYAR SELEKSIYA ISTIQBOLLARI

Turlibaeva Z.A., Shavkiev J.Sh.

O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genetika va o’simliklar eksperimental biologiyasi instituti.
e-mail: binazova.zarina@bk.ru

Olma (*Malus domestica* Borkh.) iqtisodiy jihatdan muhim meva ekini hisoblanadi. Ushbu tezisda olma meva sifati bilan bog‘liq asosiy nomzod genlar va zamonaviy molekulyar seleksiya yondashuvlari tahlil qilindi. Natijalar MdACS1, MdACO1, MdPG1, MdMYB1, MdMYB10, MdSUT va MdSPS genlari meva sifati belgilarini shakllantirishda muhim rol o‘ynashini ko‘rsatdi. Shuningdek, SSR, SNP, QTL, GWAS, genomik seleksiya va CRISPR/Cas texnologiyalarining yuqori sifatli va eksportbop olma navlarini yaratishdagi ahamiyati yoritildi.

Olma (*Malus domestica* Borkh.) mevalarining sifati murakkab poligen belgilar majmuasi bo‘lib, ularning shakllanishi genetik, fiziologik va ekologik omillarning o‘zaro ta'siri natijasida yuzaga keladi. So‘nggi yillarda genomika va molekulyar biologiya sohalarida erishilgan yutuqlar meva sifati bilan bog‘liq genlarni aniqlash hamda ularni seleksiya jarayonlarida qo‘llash imkoniyatlarini kengaytirdi.

Olma mevalarining pishishi va saqlanuvchanligi asosan etilen biosintezi bilan bog‘liq bo‘lib, ushbu jarayonda MdACS1 va MdACO1 genlari muhim rol o‘ynaydi. Tadqiqotlar natijasida MdACS1-2 alleli mevalarning past etilen ishlab chiqarishi va uzoq muddat saqlanishi bilan bog‘liqligi aniqlangan. Bundan tashqari, meva qattiqligi va teksturasini shakllantirishda MdPG1, MdPME va MdXTH genlari ishtirok etib, ular hujayra devori polisaxaridlarining parchalanishini boshqaradi.

Meva po‘stining qizil rang hosil qilishi antotsian biosintezi bilan bog‘liq bo‘lib, ushbu jarayon MdMYB1 va MdMYB10 transkripsion faktor genlari tomonidan nazorat qilinadi. Ayniqsa, MdMYB10 genining yuqori ekspressiyasi mevalarda qizil pigmentlarning intensiv to‘planishiga olib kelishi aniqlangan.

Hozirgi kunda olma seleksiyasida molekulyar markerlarga asoslangan yondashuvlar keng qo‘llanilmoqda. Xususan, SSR, SNP, QTL va genom bo‘ylab assotsiativ tahlillar (GWAS) meva sifati bilan bog‘liq genlarni aniqlash va istiqbolli genotiplarni saralash imkonini bermoqda. Genomik seleksiya (GS) esa minglab molekulyar markerlar asosida seleksion qiymatni oldindan prognoz qilish imkoniyatiga ega bo‘lib, seleksiya siklini sezilarli darajada qisqartiradi. Bundan tashqari, RNA-seq transkriptomik tahlillari va CRISPR/Cas genomni tahrirlash texnologiyalari meva sifati bilan bog‘liq genlarning funksional tavsifini chuqur o‘rganish hamda yangi avlod yuqori sifatli olma navlarini yaratish istiqbollarini kengaytirmoqda.

Olma mevalarida sifat ko‘rsatkichlarini boshqaruvchi *MdACS1, MdACO1, MdPG1, MdMYB1, MdMYB10, MdSUT, MdSPS va MdNAC* genlari seleksiya jarayonlarida muhim ahamiyatga ega. Zamonaviy molekulyar markerlar, genomik seleksiya va genomni tahrirlash texnologiyalarini qo‘llash yuqori hosilli, sifatli, uzoq muddat saqlanuvchan va eksportbop olma navlarini yaratishning samarali ilmiy asosini tashkil etadi. Shuningdek, ushbu genlarning allelik xilma-xilligini aniqlash va ularning fenotipik belgilar bilan bog‘liqligini baholash seleksiya dasturlarining aniqligi hamda samaradorligini oshirishga xizmat qiladi. Kelgusida molekulyar genetika, bioinformatika va genomika yondashuvlarini kompleks qo‘llash iqlim o‘zgarishlariga chidamli, yuqori biologik va iste’mol sifatiga ega yangi olma navlarini yaratishda muhim ilmiy-amaliy ahamiyat kasb etadi.

G‘O‘ZANING AYRIM NAV VA TIZMALARIDA TOLA CHIQIMI KO‘RSATKICHLARI

Xalikov Q.K., Arslanov D.M.

O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genetika va o’simliklar eksperimental biologiyasi instituti.
e-mail: xaliqovquvondiq@gmail.com

G‘o‘za tola beruvchi o‘simliklar guruhiga kirib, u qishloq xo‘jaligi ekinlari ichida eng bebahosidir. Uning asosiy mahsuloti tuk ko‘rinishida chigitda rivojlanadigan tolasi hisoblanadi. Paxta va undan olinadigan mahsulotlar xalq xo‘jaligining barcha tarmoqlarida keng qo‘llaniladi. Paxta tolasidan oddiy ip, kiyim-kechaklar va turli xil gazlamalardan tashqari, arqonlar, har xil to‘rlar, tasmalar, transportyor lentalari, rezinali shlanglar uchun maxsus matolar, filtr qog‘ozlar, sun’iy ipak, tibbiyot uchun momiq, shuningdek, selluloid, foto va kinoplyonkalar, lak-bo‘yoqlar, yuqori sifatli qog‘oz va boshqa turli mahsulotlar ham tayyorlanadi.

Tola vaznining paxta xom ashyosi vazniga nisbati tola chiqimi deyiladi. Tola chiqimi chigitdagi tolalarning miqdori va vazniga bog‘liq bo‘ladi. G‘o‘zaning turli shakllarida tola chiqimi 12–15% dan 43–44% gacha bo‘lishi mumkin.

Tadqiqotda g‘o‘zaning C-6524 va Genofond-2 nav namunalari hamda A-800 va A-676 tizmalaridan foydalanildi.

Tadqiqot namunalarining tola chiqimi ko‘rsatkichlari o‘rganilganda, ota-ona namunalarida eng yuqori ko‘rsatkich C-6524 navida bo‘lib, 43,2% ni tashkil etdi. Eng past ko‘rsatkich esa A-800 tizmalarida bo‘lib, o‘rtacha 27,5% ni tashkil etdi. Bundan farqli ravishda A-676 tizmalarida tola chiqimi 32,8% ni, Genofond-2 navida esa 39,5% ni tashkil etdi.

F_1 duragay kombinatsiyalarida tola chiqimi bo‘yicha eng yuqori ko‘rsatkich Genofond-2 navining ona sifatida foydalanilgan duragaylarida kuzatildi. Bunda

Genofond-2 × A-800 kombinatsiyasida tola chiqimi 39,6%, Genofond-2 × A-676 kombinatsiyasida esa 37,0% ni tashkil etdi.

C-6524 navi ona sifatida foydalanilgan kombinatsiyalarda**:** C-6524 × A-800 da tola chiqimi 37,0% ni, C-6524 × A-676 kombinatsiyasida esa 36,0% ni tashkil etdi. Duragay kombinatsiyalarda irsiylanish darajasi (hp = 0,2; hp = –0,3; hp = 1,0; hp = 0,2) bo‘lib, C-6524 × A-676 kombinatsiyasida salbiy dominantlik holatini namoyon qildi. F_2 duragay kombinatsiyalarida tola chiqimi ko‘rsatkichlari 27,1–43,0 oralig‘idagi qiymatlarni o‘z ichiga olgan 8 ta sinfga bo‘lindi. Bunda eng yuqori ko‘rsatkich A-676 tizmasi ota sifatida foydalanilgan namunalarda kuzatildi. C-6524 × A-676 kombinatsiyasida tola chiqimi 36,3% ni tashkil qilgan bo‘lsa, Genofond-2 × A-676 kombinatsiyasida esa 36,1% ni tashkil etdi. C-6524 × A-800 kombinatsiyasida bu ko‘rsatkich 32,8% ni, Genofond-2 × A-800 kombinatsiyasida esa 33,5% ni tashkil etdi. Belgining avlodga berilishi barcha kombinatsiyalarda o‘rtacha (mos ravishda h^2 = 0,94; h^2 = 0,27; h^2 = 0,60; h^2 = 0,92) darajada namoyon bo‘ldi.

DNK MARKERLAR YORDAMIDA G’O’ZA GENOTIPLARINI GENETIK POLIMORFIZMINI BAHOLASH

Xolmuradova M.M., Makamov A.X., Normamatov I.S., Boyqobilov U.A., Norbekov J.K., Xusenov N.N., Muxammadaliyev R.I., Buriev Z.T.

O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genomika va bioinformatika markazi.
e-mail: maftuna.khalmuradova@gmail.com

Suv tanqisligi XXI asrda butun dunyo uchun dolzarb va umumiy ekologik – iqtisodiy muammo hisoblanadi. Antropogen omillar ta’sirida yer atmosferasida kiruvchi quyosh nurlanishi va chiqayotgan issiqlik nurlanishi o‘rtasidagi muvozanat izdan chiqishi – sayyoraning issiqlik energiyasi hajmining ortishiga, oqibatda esa global isish holatiga olib keladi. Global isish o‘z navbatida suv

bug‘lanish jarayonini tezlashtiradi va ko‘plab hududlarda qurg‘oqchilik holatining vujudga kelishiga sabab bo‘ladi.

Bunday keskin iqlimiy o‘zgarishlar nafaqat ekotizimning funksional faoliyatiga, turlar tarqalishi va biologik xilma-xillikning saqlanishiga ham salbiy ta’sir ko‘rsatadi. Yuqori harorat va qurg‘oqchilik stressi – o‘zaro chambarchas bog‘liq bo‘lib, qishloq xo’jaligi ekinlarining o‘sishi, rivojlanishi, hosildorligi va natijada global oziq-ovqat xavfsizligiga bevosita tahdid soladi.

Shu bois, kelajakda qurg‘oqchilik sharoitida barqaror qishloq xo‘jaligi tizimlarini shakllantirishning asosiy ustuvor yo‘nalishlardan biri sifatida, o‘simliklarning qurg‘oqchilikka chidamliligi bilan bog’liq morfo-fiziologik, biokimyoviy javob mexanizmlari va molekulyar signalizatsiya yo‘llarini boshqaruvchi genlarni o‘z ichiga olgan xromosoma hududlarini (QTL) aniqlash hamda seleksiya (MAS) dasturlarida qo‘llash muhim ahamiyat kasb etadi. Bu yondashuv kelajakdagi iqlim o‘zgarishlariga moslashgan, barqaror hosildorlikka ega navlarni yaratishda muhim o‘rin tutadi.

Tadqiqotimizning maqsadi ham DNK markerlari yordamida g’o’zada qurg’oqchilikka chidamlilik gen/lokuslarini QTL xaritalash va nomzod genlarni aniqlash. QTL xaritalashni amalga oshirish uchun esa ma’lum bir g’o’za populyatsiyasi talab etiladi. Shuning uchun markaz olimlari tomonidan yaratilgan UAK (Uyali Asotsiativ Kartalashtirish) populyatsiyasining boshlang’ich ota-ona namunalarini ham genotipik ham fenotipik jihatdan chuqur o’rganib, ular asosidagi populyatsiyalardan birini tanlab olishni vazifa qilib oldik.

UAK populyatsiyasining Namangan-77, KK-1796, KK-1795, 1000, C-9006, KK-1086, Catamarca 811, C-9008, L-N1, L-141, Hapicala 19, 0-030, C-4769, L-45, Zangi-ota, Saenr pena 85, C-2025, KK-602, SAD-35-11, C-417 kabi nav va nav namunalaridan iborat bo’lgan ota-ona genotiplari markazda mavjud BNL, CIR,

CIM, GH, JESPR, TMB va NAU mikrosatellit (SSR) markerlar to’plamining praymerlaridan foydalanib PZR skriningi qilindi va natijalar asosida ota-ona genotiplarining genetik xilma-xilligi baholandi.

Bunga ko’ra jami 89 ta marker bo‘yicha polimorfizm informatsion koeffitsienti (PIC) qiymatlari 0.0905 dan 0.7017 gacha o‘zgarib, markerlar orasida polimorfizm darajasi sezilarli farqlanishini ko‘rsatdi. Eng yuqori PIC qiymati BNL1671 (0.7017) markerida qayd etildi, undan keyingi yuqori informativ markerlar sifatida JESPR152 (0.6774) va TMB0812 (0.6295) aniqlandi.

Geterozigotalik (He) qiymatlari 0.095–0.7368 oralig‘ida bo’lib eng yuqori He qiymati ham BNL1671 markerida (0.7368) kuzatildi. PIC va He ko‘rsatkichlari o‘rtasidagi moslik markerlarning genetik xilma-xillikni baholashdagi ishonchliligini tasdiqlaydi.

Allellar soni bo‘yicha markerlar 2 tadan 6 tagacha allel hosil qildi. Eng yuqori allel soni ham BNL1671 markerida (6 allel) kuzatilgan bo‘lsa, JESPR152, TMB0812, BNL1161 va TMB0189 markerlarida 4 tadan allel aniqlandi. Amplikon o‘lchamlari 73 bp dan 426 bp gacha diapazonda qayd etildi.

PIC qiymati 0.5 dan yuqori bo‘lgan markerlar ya’ni BNL1671, JESPR152, TMB0812, BNL1227, TMB0561, BNL3594 va JESPR179 namunalar aro yuqori informativ markerlar sifatida baholandi. Ushbu markerlar genetik xilma-xillikni aniqlash, germplazma kolleksiyalarini tavsiflash hamda qurg‘oqchilikka chidamlilik bilan bog‘liq QTL lokuslarini xaritalashda samarali molekulyar vosita bo‘lib xizmat qilishi mumkin.

G’O’ZADA (*G. hirsutum L.*) QURG’OQCHILIKKA CHIDAMLILIK GEN/LOKUSLARINI MOLEKULYAR XARITALASH

Xolmuradova M.M., Makamov A.X., Normamatov I.S., Boyqobilov U.A., Norbekov J.K., Xusenov N.N., Muxammadaliyev R.I., Buriev Z.T.

O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genomika va bioinformatika markazi.
e-mail: maftuna.khalmuradova@gmail.com

Butun dunyo bo‘ylab jiddiylashib borayotgan qurg‘oqchilik, yuqori harorat va suv toshqinlari kabi ekstremal iqlim tendensiyalari global isish tufayli yuzaga keladi. IPCC (Intergovernmental Panel on Climate Change) ning tahminicha havo haroratining 1,5°C dan yuqori ko‘tarilishi qishloq xo‘jaligi ekinlari maxsulotlarini ≥ 50% ga kamaytirish patensialiga ega. Hozirgi va kelajakdagi iqlim sharoitida qurg‘oqchilik jiddiy tahdid hisoblanib, umumiy zararni 3-8 % ga oshirishi mumkin.

Muhim tabiiy tolali ekin sifatida, jahon miqyosida yetishtiriladigan g’o’za (*Gossypium hirsutum L.*) doimiy ravishda tuproq sho‘rlanishi, issiqlik va qurg‘oqchilik kabi abiotik stress omillari ta’siri ostida qoladi. Ayniqsa, suv tanqisligi va sho‘rlanish sharoitida o’simliklarda fotosintez jarayoni susayadi, oziqa moddalarining o‘zlashtirilishi buziladi hamda fiziologik va biokimyoviy jarayonlar izdan chiqadi. Shu bois g‘o‘zaning ekologik stress omillariga chidamli yangi navlarini yaratishda molekulyar genetik asoslarini o‘rganish, qishloq xo‘jaligi seleksiyasida muhim yo‘nalishlardan biri hisoblanadi.

Ushbu yo‘nalishda zamonaviy biotexnologik yondashuvlardan biri bo‘lgan markerlarga asoslangan seleksiya (MAS) usulini qo‘llash, an’anaviy seleksiya metodlariga nisbatan tezkorligi va samaradorligi bilan ajralib turadi. MAS dasturini muvaffaqiyatli amalga oshirish uchun esa, eng avvalo, qurg‘oqchilikka chidamlilik kabi muhim morfologik, fiziologik, biokimyoviy va qimmatli xo‘jalik belgilari bilan bog‘liq genetik lokuslar yoki DNK markerlarini xaritalash orqali aniqlash zarur bo‘ladi.

O’simliklarda qurg‘oqchilikka chidamlilikka aloqador genlarni o‘z ichiga olgan xromosoma hududlarini aniqlash juda muhim. Shu kunga qadar dunyo olimlari tomonidan bir qancha qishloq xo‘jaligi ekinlari jumladan, guruch, makkajo‘xori, arpa, soya va bug‘doyda qurg‘oqchilikka chidamlilikning ko‘pgina morfo-biologik, fiziologik, biokimyoviy va qimmatli xo‘jalik belgilariga genetik brikkan ko‘plab lokuslar/DNK markerlar identifikatsiya qilingan va QTL xaritalashtirilgan. Biroq, g‘o‘zada qurg‘oqchilikka chidamlilik bilan bog‘langan genom regionlarini aniqlash va xaritalash tadqiqotlari yetarli darajada emas.

Bizning tadqiqotimizning maqsadi ham aynan qurg’oqchilikka chidamlilikka aloqador gen/lokuslarning xromosomadagi lokatsiyalarini aniqlash va xaritalash hamda DNK markerlar bilan nishonlab qo’yish. Nishonlangan DNK markerlarni esa abiotik stressga chidamli bo’lgan yangi hosildor g’o’za navlarini yaratishda qo’llash uchun MAS tadqiqotlariga tadbiq etish.

Tadqiqotni amalga oshirish uchun O’zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi, Genomika va bioinformatika markazi olimlari tomonidan yaratilgan “Namangan-77 x Zangi-ota” RIL (Rekombinant Inbred Liniyalar) populyatsiyasining 98 ta namunalari va ota (Zangi-ota) - ona (Namangan-77) navlari tanlab olindi. Populyatsiya hamda ota-ona namunalarini 2020 - 2022 yillar mobaynida, dala sharoitida, optimal va sun’iy suv tanqisligi muhitida morfo-biologik, fiziologik, biokimyoviy ko’rsatkichlari va tola sifat belgilari o’rganildi. Ushbu belgilar boyicha jamlangan fenotipik ma’lumotlar OriginPro-2024 dasturida deskriptiv statistika asosida tahlil qilindi.

Shuningdek maskur tadqiqotning ota-ona namunalarida 924 ta Simple Sequence Repeat (SSR) markerlar asosidagi PZR reaksiyalari amalga oshirildi. Umumiy 7 ta markerlar guruhi (BNL, CIR, JESPR, TMB, NAU, CH va SM) bo‘yicha jami 924 ta DNK markerlardan 719 tasi (77,8%) muvaffaqiyatli amplifikatsiya berdi, ulardan 153 tasi (16,6%) namunalar aro polimorf ekanligi,

566 tasi (61,3%) esa monomorf ekanligi aniqlandi. Ushbu markerlar ishtirokidagi reaksiyalarning 205 tasida (22,2%) amplifikatsiya yuz bermadi.

Hozirgi kunda ota-ona namunlarida polimorfizm bergan DNK markerlar bilan “Namangan-77 x Zangi-ota” RIL populyatsiyasining 98 ta namunalarida PZR ishlari amalga oshirilmoqda.

G‘O‘ZADA QURG‘OQCHILIKKA CHIDAMLILIK GENLARINI IN-SILICO PZR ORQALI ANIQLASH

Xolova M.D., Ernazarova D.K., Oripova B.B., Xidirov M.T., Iskandarov A.A., Kushanov F.N.

O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genetika va o’simliklar eksperimental biologiyasi instituti.
e-mail: igebr_anruz@genetika.uz

Iqlim global miqyosda o‘zgarishi va suv resurslarining keskin kamayishi sharoitida qishloq xo‘jaligi ekinlari, xususan g‘o‘za (*Gossypium hirsutum* L.) hosildorligi hamda tola sifatini saqlab qolish eng dolzarb muammolardan biri hisoblanadi. Qurg‘oqchilik o‘simliklarda ko‘plab salbiy fiziologik, biokimyoviy va morfologik o‘zgarishlarni keltirib chiqaradi. An’anaviy seleksiya usullari yordamida qurg‘oqchilikka chidamli navlarni yaratish uzoq vaqt va katta iqtisodiy xarajatlarni talab etadi. Zamonaviy biotexnologiya va bioinformatika yondashuvlari, xususan *in-silico* PZR tahlili genom ma’lumotlaridan samarali foydalangan holda, maqsadli belgilarga javobgar molekulyar markerlarni dastlabki skrining va validatsiya qilish imkonini beruvchi kuchli vositadir. Ushbu tadqiqotning asosiy maqsadi g‘o‘zada qurg‘oqchilikka chidamlilik bilan bog‘liqligi ilgari xabar qilingan DNK markerlarining keng ko‘lamli kompyuter tahlilini amalga oshirish hamda ushbu marker ketma-ketliklarini referens genomiga xaritalash orqali potentsial kandidat genlarni lokalizatsiya qilishdan iborat.

Xalqaro ilmiy adabiyotlar hamda NCBI va *CottonGen* genomik ma’lumotlar bazalari asosida g‘o‘zaning qurg‘oqchilikka chidamliligi va osmotik stressga javob parametrlari bilan bog‘liq mikrosatellit (SSR) markerlarining maqsadli to‘plami shakllantirildi. Praymer ketma-ketliklarining g‘o‘za (*Gossypium hirsutum* L.) referens genomidagi aniq xromosoma koordinatalarini, kutilayotgan amplifikon o‘lchamlarini va fizik masofalarini aniqlash elektron PZR (e-PCR) hamda BLAST dasturlari orqali amalga oshirildi. Praymerlarni xaritalashda yuqori spetsifiklikni ta’minlash va noto‘g‘ri musbat natijalarni istisno qilish maqsadida bioinformatik tahlillar qat’iy filtrlash parametrlari ostida olib borildi.

Kompyuter skriningi natijasida tahlil qilingan DNK markerlarining salmoqli qismi g‘o‘za genomining ma’lum xromosomalariga yuqori aniqlikda xaritalandi va ularning fizik koordinatalari belgilandi. Referens genomda yuqori darajada mos keladigan marker xitlariga tutashgan va ular orasida joylashgan genomik hududlar tarkibiy hamda funktsional annotatsiya quvurlari (pipelines) yordamida batafsil o‘rganildi. Bizning *in-silico* ko-lokalizatsiya tahlilimiz natijasida funktsional markerlarga bevosita yaqin bo‘lgan lokalizatsiyalarda bir nechta asosiy kandidat genlar mavjudligi aniqlandi. Nukleotidlar ketma-ketligi va funktsional annotatsiyaga ko‘ra, ushbu genlar o‘simliklarning abiotik stress omillariga, xususan qurg‘oqchilikka bo‘lgan javob reaktsiyalarida va hujayra gomeostazini saqlashda hal qiluvchi rol o‘ynaydigan transkripsiya omillari (masalan, WRKY, MYB oilalari), antioksidant fermentlar (superoksiddismutaza, katalaza) va osmotik moslashuv oqsillarini kodlashi ma’lum bo‘ldi. Ushbu genlar va markerlarning bir guruhda joylashishi (co-localization) ularning qurg‘oqchilik stressi paytida ekspressiya darajasining o‘zgarishi va o‘simlik himoya tizimini faollashtirishi bilan bevosita bog‘liqligini ko‘rsatadi.

Genetik marker ma’lumotlarini bioinformatik yondashuvlar orqali g‘o‘zaning fizik genom xaritalari bilan integratsiya qilish qurg‘oqchilikka chidamlilik kabi

murakkab miqdoriy belgilarning genetik arxitekturasini chuqurroq va tizimli tushunishga xizmat qiladi. Ushbu tadqiqot doirasida aniqlangan yangi kandidat genlar gen ekspressiyasi profili (RT-qPCR) va CRISPR/Cas kabi genomni tahrirlash texnologiyalari yordamida kelgusi funktsional validatsiya tajribalari uchun qimmatli molekulyar nishon hisoblanadi. Yakuniy bosqichda, ushbu xaritaga tushirilgan va lokalizatsiya qilingan funktsional molekulyar markerlar hamda ularga yaqin genlar g‘o‘zaning noqulay iqlim omillariga va keskin suvsizlikka chidamli, iqlim-aqlli (climate-smart) yangi liniya va navlarini yaratishga qaratilgan markerlar yordamida seleksiya (MAS-Marker-Assisted Selection) dasturlariga to‘g‘ridan-to‘g‘ri hamda samarali tatbiq etilishi mumkin.

G. HIRSUTUM L. TURIGA MANSUB O‘RTA TOLALI G‘O‘ZA NAVLARIDA CHIGITNING DALA UNUVCHANLIGINI BAHOLASH

[1]Xotamov A.T., [2]Safarov B.S. [2]Qahhorova N.O‘.

[1]O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genetika va o’simliklar eksperimental biologiyasi instituti;
[2]Guliston davlat pedagogika instituti.
e-mail: gspi.uz

So‘nggi yillarda g‘o‘za seleksiyasi va urug‘chilik sohasida yuqori unuvchanlikka ega, stress omillarga chidamli navlarni yaratishga alohida e‘tibor qaratilmoqda. Biroq har bir yangi navning hududiy agroekologik sharoitda sinovdan o‘tkazilishi uning ishlab chiqarishga joriy etilishida muhim bosqich hisoblanadi. Sirdaryo viloyati sharoitida o‘rta tolali g‘o‘za navlarining chigit dala unuvchanligini o‘rganish va eng yuqori moslashuvchanlikka ega navlarni aniqlashdan iborat. Bu esa kelgusida hudud uchun optimal navlarni tanlash va hosildorlikni oshirishga xizmat qiladi.

Tadqiqotchilarning ta’kidlashicha, yirik urug‘larga va yuqori genetik salohiyatga ega genotiplar mavjud bo‘lsa-da, genetik takomillashtirish urug‘larning unish kuchini oshirish uchun har doim ham yetarli emas. Chunki urug‘larning past hayotchanligi ko‘plab ekinlarga xos muammo hisoblanadi. G‘o‘zada esa hosildorlik pasayishi va urug‘ sifatining yomonlashishi hosildan keyin boshlanadi, buning natijasida unuvchanlik va yashovchanlik darajasi ham kamayadi.

G‘o‘za chigitlarini turli moddalar eritmalariga ivitish orqali ularning unuvchanligi o‘rganilib, unish jarayonining boshlanishi va unish foizining oshishi haqida ma’lumotlar olingan.

Turli ekologik sharoitlarda urug‘larning unuvchanligini yaxshilash paxtachilik sanoatining barqaror rivojlanishi uchun muhim ahamiyatga ega ekanligini hisobga olib, urug‘larning unishi va nihollarning yashovchanligini oshirish maqsadida turli ishlov berish usullari qo‘llanilgan.

Bundan tashqari g‘o‘za chigitlarining unuvchanligiga harorat, namlik, urug‘ sifati va tuproq sho‘rlanishi kabi omillar ham kuchli ta’sir ko‘rsatishi bir qancha ilmiy manbalarda ta’kidlangan.

Tadqiqotlarimiz Sirdaryo viloyati, Guliston davlat pedagogika instituti tajriba maydonida olib borildi. Tadqiqot obekti sifatida g‘o‘zaning o‘rta tolali AN-Boyovut-2, Sulton, Guliston, C-6524, Buxoro-102, Samara, Yuksalish, Sadaf, Shodlik-11, Gulbahor-2, Kelajak, Oq Marjon navlari tanlab olindi. Tadqiqot maydonining tuproq sho‘rlanishi o‘rta darajada sho‘rlangan bo‘lib, navlarning urug‘lik chigitlari 0,01 ga maydonga, 3 takrorlanishda, randomizatsiya usulida ekildi. Ekish sxemasi 76x15x1.

Dastlab g‘o‘zaning unib chiqish bosqichi o‘rganildi. Tajriba natijalariga ko‘ra, g‘o‘za navlari orasida dala unuvchanligi bo‘yicha sezilarli farqlar kuzatildi. O‘rganilgan navlar ichida Shodlik-11 (4,7±0,3) navi eng yuqori unuvchanlik ko‘rsatkichiga ega bo‘ldi. Bu navning yuqori unuvchanligi urug‘larning biologik

sifati, kuchli o‘sish energiyasi va dala sharoitlariga yaxshi moslashganligi bilan izohlanadi. Nisbatan past unuvchanlik ko‘rsatkichi Guliston (8,7±0,8) navida qayd etildi. Qolgan navlarda ushbu belgi bo‘yicha oraliq ko‘rsatkichlar qayd etildi.

Tadqiqot natijalari shuni ko‘rsatdiki, o‘rtacha sho‘rlangan tuproq sharoitida vegetatsiya davri belgisi bo‘yicha Shodlik-11 navi istiqbolli genotip sifatida ajralib turadi. Shu bois, ushbu navdan seleksiya ishlarida vegetatsiya davri davomiyligini takomillashtirishga qaratilgan tadqiqotlar uchun boshlang‘ich seleksion ashyo sifatida foydalanish ilmiy va amaliy jihatdan maqsadga muvofiq hisoblanadi.

G‘O‘ZA GENOTIPLARIDA FIZIOLOGIK VA HOSILDORLIK BELGILARI O‘RTASIDAGI O‘ZARO BOG‘LIQLIKNI PEARSON KORRELYATSIYA TAHLILI ASOSIDA BAHOLASH

Yuldoshxonov A.A., Makamov A.X., Xolmuradova M.M., Xusenov N.N., Mamanazarov Sh.I., Muxammadaliyev R.I.

O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genomika va bioinformatika markazi.
e-mail: mravshanbe95@gmail.com

So‘nggi yillarda kuzatilayotgan global iqlim o‘zgarishi va suv resurslari taqchilligi g‘o‘za yetishtirishda hosildorlikning pasayishiga sabab bo‘layotgan asosiy omillardan biridir. Shu bois qurg‘oqchilikka chidamli genotiplarni aniqlash hamda seleksiya jarayonida foydalanish mumkin bo‘lgan fiziologik va agronomik belgilarni o‘rganish dolzarb ilmiy yo‘nalishlardan biri hisoblanadi. Belgilar o‘rtasidagi korrelyatsion bog‘liqlikni aniqlash seleksiya uchun muhim indikatorlarni tanlash va hosildorlikni shakllantiruvchi omillarni baholash imkonini beradi. Mazkur tadqiqotda O‘zbekiston g‘o‘za kolleksiyasiga mansub 95 ta genotip optimal sug‘orish va qurg‘oqchilik sharoitlarida o‘rganildi. Tadqiqot davomida barglarning nisbiy suv miqdori (Relative Water Content), barglarning 1, 4 va 6 soat davomida suv yo‘qotish ko‘rsatkichlari (BYSM), xlorofill miqdori (SPAD),

transpiratsiya intensivligi, o‘rtacha ko‘sak vazni, bitta o‘simlik mahsuldorligi hamda paxta hosildorligi baholandi. Belgilar o‘rtasidagi bog‘liqlik Pearson korrelyatsiya koeffitsienti yordamida R dasturida tahlil qilindi. Tahlil natijalari optimal sug‘orish sharoitida barglarning 1, 4 va 6 soatlik suv yo‘qotish ko‘rsatkichlari o‘rtasida yuqori darajadagi musbat korrelyatsiya mavjudligini ko‘rsatdi (r = 0,796–0,915). Transpiratsiya intensivligi ham mazkur belgilar bilan kuchli musbat bog‘liqlik hosil qildi. Bu natijalar optimal sharoitda o‘simlikning suv almashinuvi jarayonlari o‘zaro chambarchas bog‘langanligini tasdiqlaydi. Qurg‘oqchilik sharoitida BYSM ko‘rsatkichlari o‘rtasidagi bog‘liqlik yanada kuchli bo‘lib, korrelyatsiya koeffitsientlari 0,91–0,97 oralig‘ida qayd etildi. Shuningdek, barglarning nisbiy suv miqdori bilan BYSM ko‘rsatkichlari orasida ham kuchli musbat bog‘liqlik (r = 0,664–0,780) kuzatildi. Ushbu natijalar barglarda suvni saqlab qolish qobiliyati yuqori bo‘lgan genotiplar qurg‘oqchilik sharoitida fiziologik barqarorlikni yaxshiroq saqlashini ko‘rsatadi. Hosildorlik komponentlari orasidagi bog‘liqlik tahlili qurg‘oqchilik sharoitida o‘rtacha ko‘sak vazni bilan bitta o‘simlik mahsuldorligi o‘rtasida o‘rtacha musbat korrelyatsiya mavjudligini ko‘rsatdi (r = 0,441). Optimal sug‘orish sharoitida esa bitta o‘simlik mahsuldorligi bilan paxta hosildorligi o‘rtasida eng yuqori ijobiy bog‘liqlik kuzatildi (r = 0,503). Bundan tashqari, qurg‘oqchilik va optimal sharoitlarda aniqlangan ko‘sak vazni ko‘rsatkichlari o‘rtasida o‘rtacha darajadagi bog‘liqlik (r = 0,534), hosildorlik ko‘rsatkichlari o‘rtasida esa r = 0,333 korrelyatsiya qayd etildi. Bu suv ta’minoti sharoiti o‘zgarganda belgilar o‘rtasidagi munosabatlar ham sezilarli ravishda o‘zgarishini ko‘rsatadi. SPAD ko‘rsatkichlari hosildorlik bilan kuchsiz bog‘liqlikni namoyon etdi. Xususan, qurg‘oqchilik sharoitida SPAD va paxta hosildorligi o‘rtasida zaif salbiy korrelyatsiya (r = –0,177) kuzatildi. Shuningdek, optimal sharoitda BYSM ko‘rsatkichlari bilan bitta o‘simlik mahsuldorligi orasida salbiy bog‘liqlik (r = –0,27 dan –0,40 gacha) qayd etildi. Bu natijalar ayrim fiziologik

belgilar hosildorlikka bevosita emas, balki bilvosita ta’sir qilishini ko‘rsatadi. Olingan natijalar qurg‘oqchilik sharoitida barglarning nisbiy suv miqdori, barglarning suv yo‘qotish ko‘rsatkichlari va transpiratsiya intensivligi g‘o‘zaning stressga chidamliligini tavsiflovchi muhim fiziologik belgilar ekanligini tasdiqladi. Pearson korrelyatsiya tahlili ushbu belgilar o‘rtasidagi bog‘liqlikni aniqlash orqali seleksiya jarayonida istiqbolli genotiplarni saralash va qurg‘oqchilikka chidamli yangi navlarni yaratishda samarali statistik yondashuv ekanligini ko‘rsatdi.

UGT GENLAR OILASINING O‘SIMLIKLARGA TA‘SIRI VA AHAMIYATI

Ziyodov O.T., Usmanov D.E., Shermatov Sh.E., Xusanbayeva Sh.R., Juraqulov D.S., Sharifjonov A.A., Buriev Z.T.

O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genomika va bioinformatika markazi.
e-mail: odilbekziyodov11@gmail.com

Sho‘rlanish qishloq xo‘jaligi ekinlarining unumdorligini cheklovchi abiotik omillardan biri bo‘lib, o‘simliklar unib chiqishi va hosildorligiga salbiy ta‘sir qiladi. Bu esa o‘simliklardagi ion muvozanatining buzilishi, osmotik stress, oksidlovchi stress va ozuqa moddalarining kamayishi orqali o‘simliklarning umumiy o‘sishiga to‘sqinlik qiluvchi asosiy abiotik omillardan biridir. Shu bilan birga o‘simliklar sho‘rlanish stressiga bardosh berish uchun morfologik va molekulyar darajada bir nechta moslashish strategiyalari ham mavjud. So‘ngi yillarda qilingan tadqiqotlarda tuz stressiga chidamlilik bilan bog‘liq turli fiziologik mexanizmlar, genlar va transkripsiya omillarini (TF) aniqlandi. Bular orasidan UGT genlar oilasi vakillarining o‘simliklarga ta‘sirini ko‘rib chiqamiz.

UDP-glikoziltransferazalar (UGT) o‘simlik genomlarida keng tarqalgan katta multigen oilasini ifodalaydi va o‘simliklar metabolizmi, rivojlanishi va stressga moslashuvida asosiy rol o‘ynaydi. Ikkilamchi metabolitlardan tashqari, UGTlar

auksinlar, sitokininlar, abssis kislotasi (ABA), salitsil kislotasi va jasmon kislotasi kabi fitogormonlarni boshqarishda ishtirok etadi. Ko‘plab dalillar shuni ko‘rsatadiki, UGT genlar oilasi o‘simliklarning sho‘rlanish, qurg‘oqchilik, ekstremal harorat va oksidlovchi stress kabi abiotik stresslarga javoblarida muhim rol o‘ynaydi.

Model o‘simlik *Arabidopsis thaliana*da olib borilgan tadqiqotlar tuz stressi ta‘sirida UGT genlar oilasi vakillarining ekspressiyasi sezilarli darajada oshishini ko‘rsatgan. Xususan, NaCl bilan ishlov berilgan ikki haftalik ko‘chatlarda ushbu genlar transkript darajasining dastlabki soatlarda induksiyalanishi va uzoq vaqt davomida yuqori darajada saqlanishi ushbu genlarning tuz stressiga javob beruvchi signal yo‘llari bilan chambarchas bog‘liqligini ko‘rsatadi. Mazkur natijalar UGT genlar oilasi vakillari stressga javob beruvchi funksional nomzod genlar sifatida baholash imkonini beradi. Yuqoridagi ma‘lumotlar asosida biz ushbu genlar oilasi vakillarini ekspressiyalanishi turli darajadagi tuz stressi ostida tahlil qilmoqdamiz.

БУҒДОЙ ГИБРИДЛАРИДА МИКРОСПОРА ВАКУОЛИЗАЦИЯСИНИ БОШОҚНИНГ МОРФОЛОГИК РИВОЖЛАНИШ БЕЛГИСИ АСОСИДА АНИҚЛАШ

Бабоев С.К., Дусматова Г.Д.

Ўзбекистон Республикаси Фанлар академияси, Генетика ва ўсимликлар экспериментал биологияси институти.
e-mail: baxora2111@gmail.com

Буғдой (*Triticum aestivum* L.) дунёда энг кўп етиштириладиган ва инсон озиқ-овқат хавфсизлигини таъминлашда муҳим ўрин тутадиган донли экинлардан бири ҳисобланади. Аҳоли сонининг ортиши ва иқлим ўзгариши шароитида юқори ҳосилли, стресс омилларига бардошли навларни яратиш селекциянинг асосий вазифаларидан бири ҳисобланади. Бу вазифани

самарали ҳал қилишда дигаплоид технологияси муҳим аҳамиятга эга бўлиб, у қисқа вақт ичида тўлиқ гомозигот линияларни яратиш имконини беради.

Антер ва микроспора культурасининг самарадорлиги кўп жиҳатдан микроспораларнинг ривожланиш босқичига боғлиқ. Илмий тадқиқотларда кеч бир ядроли вакуолизацияланган микроспоралар стресс таъсирида гаметофитик ривожланишдан эмбриоген ривожланишга ўтиш қобилияти энг юқори бўлган босқич эканлиги исботланган. Шу сабабли айнан ушбу босқичдаги микроспораларни танлаб олиш эмбриоидлар ҳосил бўлиш самарадорлигини оширади.

Микроспора ривожланиши жараёнида вакуолизация муҳим цитологик босқич ҳисобланади. Бу босқичда цитоплазмада ҳосил бўлган майда вакуолалар бирлашиб, катта марказий вакуолани ҳосил қилади, ядро эса ҳужайранинг периферия қисмига силжийди. Ана шу морфофизиологик ўзгаришлар микроспоранинг биринчи асимметрик митозга тайёр эканлигини кўрсатади. Кеч бир ядроли вакуолизацияланган микроспоралар ташқи стресс таъсирида гаметофитик дастурдан эмбриоген дастурга ўтиш қобилияти энг юқори бўлган босқич ҳисобланади.

Сўнгги йилларда ўтказилган тадқиқотлар микроспора эмбриогенезининг муваффақияти нафақат микроспоранинг ривожланиш босқичига, балки донор ўсимликнинг физиологик ҳолати, ҳарорат режими, стресс таъсири, фитогормонлар баланси ва генотип хусусиятларига ҳам боғлиқлигини кўрсатди. Шунинг учун эмбриогенезни самарали индукция қилишда микроспораларнинг айнан вакуолизацияланган кеч бир ядроли босқичини танлаб олиш муҳим аҳамиятга эга.

Турли буғдой навлари ва генотипларида бошоқнинг байроқ барг қинидан чиқиш даражаси ҳамда вакуолизация ўртасидаги муносабат маълум даражада фарқ қилиши мумкин. Бу фарқлар генотипнинг генетик хусусиятлари, ўсиш

шароити ва ташқи муҳит омиллари билан изоҳланади. Шунинг учун ҳар бир генотип учун оптимал бошоқ чиқиш даражасини экспериментал йўл билан аниқлаш мақсадга мувофиқ ҳисобланади.

Буғдойда бошоқнинг байроқ барг қинидан чиқиш даражаси микроспораларнинг ривожланиш босқичини баҳолаш учун ишончли морфологик кўрсаткич ҳисобланади. Бошоқнинг ўсиши билан микроспораларда вакуолизация жараёни изчил кечади ва кеч бир ядроли вакуолизацияланган микроспоралар улуши ортиб боради. Шу боис, антер ва микроспора культурасини ташкил этишда бошоқнинг байроқ барг қинидан чиқиш даражасини ҳисобга олиш юқори эмбриоген салоҳиятга эга микроспораларни танлаш имконини беради ҳамда дигаплоид технологияси самарадорлигини оширишга хизмат қилади.

MYCOBACTERIUM TUBERCULOSIS МОЛЕКУЛЯР ДИАГНОСТИКАСИ УЧУН ЯНГИ АВЛОД ПРАЙМЕРЛАРИНИ ИШЛАБ ЧИҚИШ

Бегимова Д.

Ўзбекистон миллий биофармацевтика илмий тадқиқот институти.
e-mail: b.r.umarov@mail.ru

Туберкулёз (сил) касаллиги дунё миқёсида соғлиқни сақлаш тизимининг энг жиддий муаммоларидан бири бўлиб қолмоқда. Сил қўзғатувчиси *Mycobacterium tuberculosis* диагностикасида олтин стандарт ҳисобланган маданий (бактериологик) усул жуда узоқ вақт (4-6 ҳафта) талаб этади. Бу эса беморга ўз вақтида тўғри даво чораларини тайинлашга халақит беради.

Замонавий молекуляр-генетик усуллар, хусусан, (PCR) Полимераза занжирли реакцияси ташхис вақтини бир неча соатгача қисқартирди. Бироқ,

микобактерия штаммларининг тезкор мутацияга учраши ва дориларга чидамли шаклларининг (MDR (*Multi-Drug Resistant Tuberculosis*) /XDR-TB (*Extensively Drug-Resistant Tuberculosis*) кенг тарқалиши мавжуд диагностик тест-тизимларнинг сезувчанлигини камайтирмоқда. Шу сабабли, бир вақтнинг ўзида ҳам қўзғатувчини аниқлайдиган, ҳам унинг асосий мутацияларини сканерлай оладиган янги авлод праймер тизимларини яратиш долзарб илмий ва амалий аҳамиятга эга.

Янги авлод праймерларини лойиҳалашда *Mycobacterium tuberculosis* H37Rv эталон (маълумотнома/reference) лаборатория штамми геноми NCBI (*National Center for Biotechnology Information*) маълумотлар базасидан юклаб олинди. Қўзғатувчини идентификация қилиш учун кўп нусхали *IS6110 ва IS1081* инсерцион кетма-кетликлари, дориларга чидамлиликни аниқлаш учун эса *rpoB* (рифампицин) ва *katG/inhA* (изониазид) генлари танланди. BioEdit (бу нуклеин кислоталар ва оқсиллар кетма-кетлигини таҳрирлаш, текислаш дастури) ёрдамида штаммлараро мутациялар текисланди (alignment).

Ўтказилган биоинформатик таҳлиллар натижасида юқори барқарорлик ва спецификликка эга бўлган қуйидаги янги праймерлар авлоди лойиҳаланди. IS6110 Mt_F-(INS1): 5'- CGTGAGGGCATCGAGGTGGC. -3' Mt_R (INS2):5'- GCGTAGGCGTCGGTGACAAA -3' инсерцион кетма-кетлик (insertion sequence) ёки "сакровчи ген" (транспозон – яни ўз геном бўлагини кўчириб ўтказиш ва бошқа геном таркибига кира олиши-инсерция қила оладиган ва зарур бўлган ферментларни кодловчи генетик элемент). rpoB (RRDR RpoB_F2 5'- GGTCGGCATGTCGCGGATGG -3', RpoB_R2 5'- GCACGCTCACGTGACAGACC -3'. (*Mt.- rpoB гени. RRDR - Rifampicin Resistance Determining Region)* биоинформатик дастурлар геном маълумотлари базаси асосида автоматик равишда танлаб олинди.

Ўтказилган биоинформатик таҳлиллар натижасида юқори барқарорлик ва спецификликка эга бўлган қуйидаги янги праймерлар авлоди лойиҳаланди ва биоинформатик дастурий таъминотлар ёрдамида геном маълумотлари базаси асосида автоматик равишда танлаб олинди. Олинган натижалар бир қатор чет эл олимлари *Cole, S. T., et al. (1998), Boehme, C. C., et al. (2010), Untergasser. et al., 2012* ларнинг *Mycobacterium tuberculosis* диагностикаси ва дориларга чидамлилигини ўрганишдаги илмий мақолаларида келтирилган хулосаларига мос келади. Янги авлод праймерлар *rpoB (RRDR* тизимлари лойиҳалаш ишларида кўрсатилган праймерлар юқори GC-таркибли микобактерия геномига тўлиқ мослаштирилган бўлиб, *in silico* таҳлилларда юқори спецификлик (100%) мос келади. Мазкур праймерларни клиник амалиётда қўллаш туберкулёз диагностикасининг тезкорлиги ва аниқлигини сезиларли даражада ошириш, шунингдек, беморларга мақсадли терапияни эрта босқичда тайинлаш имконини беради.

ҒЎЗАНИНГ (*G. HIRSUTUM* L.) СУВ ТАНҚИСЛИГИ МУҲИТИДА МОРФО-ФИЗИОЛОГИК БЕРГИЛАРИНИ БАҲОЛАШ

Хусенов Н.Н., Норбеков Ж.К., Бойқобилов У.А., Маманазаров Ш.И.
Макамов А.Х.

Ўзбекистон Республикаси Фанлар академияси, Геномика ва биоинформатика маркази
e-mail: naimxusenov@gmail.com

Ғўза ўзгарувчан иқлим шароитида маҳсулдорлиги сезиларли даражада таъсир кўрсатиши мумкин бўлган маъданий ўсимликлардан биридир. Ҳар бир стресс факторининг ғўза ўсишига таъсирини тушуниш, стресс омилларга чидамлиликни ошириш ва самарали стратегияларни ишлаб чиқиш жуда муҳим саналади. Абиотик стресс омиллари келтириб чиқарадиган физиологик ва биокимёвий ўзгаришлар ғўзанинг абиотик стресс муаммоларига жавоб

беришда бошқарадиган асосий молекуляр механизмлар ҳақида қимматли маълумот беради.

Мазкур тадқиқотда ғўзанинг 260 дона турли генотипга мансуб нав ва генотипларини сув танқислигига чидамлигини текшириш мақсадида марказнинг махсус тажриба мойдонида икки хил оптимал ва қурғоқчилик суғориш фонида тажриба олиб борилди. Тажриба давомида намуналарда энг мухим физиологик кўрсаткичлар, хлорофил миқдори ва морфо-биологик белгилар бўйича таҳлил ишлари амалга оширилди. Икки хил муҳитда ўстирилаётган тадқиқот намуналарининг шоналаш ва гуллаш даврида хаво ҳарорати 36 ^{0}C ва ундан юқори бўлганда ўсимлик юқоридан учинчи баргидан 3 донадан намуналар олиниб лаборатория шароитида баргдаги сув ушлаш хусусияти таҳлил қилинди. Бунда, барг намуналарининг 1 соат, 4 соат ва 6 соат оралиқларида оғирлиги ўлчаб борилди. Таҳлил натижаларига кўра, биринчи 260 та намуналарининг 1 соат давомида баргдаги сув буғлатиш хусусияти оптимал қурғоқчилик суғориш фонида 10 % дан 40 % гача етганлиги аниқланди. Қурғоқчилик суғориш фонидан олинган барг намуналарида сув буғлатиш хусусияти 8 % дан 25 % гача етганлиги аниқланди. Бунда, транспирация жадаллиги қанчалик суст бўлса, баргдаги сув сарфи ҳам кам бўлади ва бундай намуналар чидамлилиги юқори эканлигини билдиради.

Тадқиқот намуналарининг 1 соатда баргларни сув ушлаши яхши эканлиги аниқланди. 4 соатда намликнинг ўртача даражада пасайиши кузатилган бўлса, 6 соатда эса сув ушлаш қобилияти сезиларли равишда камайганлиги маълум бўлди. Умумий таҳлил натижаларига кўра, 260 та нав ва намуналар ичида С-4535, ЎзПИТИ-1606, Т-32, Т-229, Т-398/07, Шодлик-91, Ан-боёвут-2, S-02, Бухоро-8, С-4535, Уйчи-2, АҚШ-001, АҚШ-029, Xin Lu Zhong-52(3), Tyanyun-0769, Xin Lu Zhong-70 навлари қолган намуналарга

нисбатан баргдаги сув ушлаш ҳусусияти юқори эканлигини аниқланди. Мазкур генотипларни кейинги молекуляр генетик ва геном селекцияси тадқиқотлари учун танлаб олинди.

ҒЎЗАНИНГ *G. HIRSUTUM* L. ТУРИГА МУНСУБ НАМУНАЛАРИНИ ТУЗ СТРЕССИ МУҲИТИДА УНУВЧАНЛИГИНИ БАҲОЛАШ

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

Ўзбекистон Республикаси Фанлар академияси, Геномика ва биоинформатика маркази
e-mail: naimxusenov@gmail.com

Шўрланиш стресси қишлоқ хўжалиги экинларининг унумдорлигини асосий чекловчи омили бўлмоқда. Жоҳонда суғориладиган экин майдонларини 20%ини шўрланиш (туз) стресси таъсири натижасида зараланган. Дунё бўйлаб экин майдонларида тупроқ шўрланишининг ортиши асосий сабаблари бу суғориш амалиётларини (хусусан, шўр сувдан фойдаланиш, шунингдек, нотўғри ўғитлаш, ортиқча сувдан фойдаланиш) ва пестицидларни ортиқча қўллаш каби ножуя агрономик амалиётлар билан боғликдир. Тупроқнинг эрозияга учраши муаммоси чекланган ёғингарчилик, ҳаддан ташқари сирт буғланиши, маҳаллий тоғ жинсларининг нураши ва иқлим ўзгаришининг таъсири билан янада кучаяди, буларнинг барчаси қишлоқ хўжалиги экинлари экилладиган майдонинг тупроқларида шўрланиш муаммосининг кучайишига олиб келади. Туз стресси морфологик, физиологик, биокимёвий ва метаболик ўзгаришларни келтириб чиқаради, бу охир-оқибат ўсимликларнинг ўсиши, ривожланиши ва унумдорлигига зарар етказади.

Ушбу тадқиқотда 260 та ғўза гермоплазма намуналарини туз (NaCl) стресси муҳитида баҳолаш лаборатория шароити амалга оширилди. Намуналарни тузга бардошлилигини аниқлаш учун 200 мМ.ли NaCl концентрацияли туз билан тўйинтирилди. Сўнгра 10-кундан бошлаб, хар бир намунанинг унувчанлиги баҳоланди.

Ғўза нав ва генотиплари орасида NaCl туз стресси муҳитида унувчанлиги энг юқори бўлган намуналар Порлоқ-8, Равнақ-1, Порлоқ-4, С-8286, Тошкент-6, Бухоро-8, Равнақ-2, Порлоқ-7, Омад навларида 40-70 % оралиғида, Null_сегригант, Порлоқ-5, С-8290, Султон, С-2606, Уичи 2, Бухоро-102, Наманган-77, Омад, Султон, Андижон-36 ва ИФ-2 навларида уруғ унувчанлиги 20-40 % ўртасида ҳамда энг паст кўрсаткичлар Л-478, Л-480, Л-485, Т-19, Т-25, Т-32, Т-37, Т-208, Т-214, Т-229, Т-398, СП-7304, Т-244-45/07, СП-03 эканлиги аниқланди. Мазкур генотипларни кейинги молекуляр генетик ва геном селекцияси тадқиқотлари учун белгилаб олинди.

РОЛЬ АНАЛИЗИРУЮЩЕГО ФОНА ДЛЯ ДИФФЕРЕНЦИАЦИИ ЛИНИЙ СОИ В УСЛОВИЯХ СПИДБРИДИНГА

Авдеев С.М., Черноок А.Г., Кочешкова А.А., Крупин П.Ю.,
Свистунова Н.Ю., Канунникова В.Ю., Ромашкина С.И.,
Карлов Г.И., Дивашук М.Г.

ФГБНУ Всероссийский научно-исследовательский институт
сельскохозяйственной биотехнологии.
e-mail: avdeevbio@yandex.ru

Актуальность исследования обусловлена необходимостью разработки методологических подходов, позволяющих более точно и быстро анализировать и дифференцировать линии сои по их чувствительности к фотопериоду. Современные методы селекции и генетического улучшения требуют интеграции новых технологий и подходов, которые обеспечивают

более глубокое понимание физиологических и генетических механизмов, влияющих на фотопериодическую реакцию растений.

Соя является чрезвычайно важной культурой для всего современного мира из-за ее широкого использования для потребления, в промышленных целях и в качестве кормовой добавки.

Методы работы включали вегетационный опыт-изучаемые растения культивировали, в течении всего периода вегетации, в двух идентичных климатических камерах (WeissTechnik, Standart Growth Chamber Fitotron SGC 120) в условиях контролируемого фотопериода: 8-часовой световой день (короткий день) и 22-часовой световой день (длинный день). Температура воздуха поддерживалась на уровне +28°C в световой период и +25°C в темновой период, относительная влажность составляла 45–55%. Уровень фотосинтетически активной радиации (ФАР) был фиксирован на отметке 350 мкмоль/м²/с.

В исследовании показано, что фотопериодические условия не только ускоряют или тормозят переход растений к генеративной фазе в лабораторных условиях. Короткодневный фотопериод ускоряет наступление цветения сои по сравнению с длиннодневным, при этом разница достигает 25 дней в зависимости от сорта. Из 50 изученных генотипов у половины начало цветения наступало в одни и те же сроки на разных фотопериодах, остальные генотипы на коротком дне начинали зацветать на 6-15 дней раньше по сравнению с длинным.

Полученные данные свидетельствуют о том, что короткий день стимулирует более быстрое наступление репродуктивной фазы у растений сои в контролируемых условиях, что может быть связано с влиянием света на регуляцию генов, ответственных за цветение. В то время как короткий день

способствует удлинению вегетационного периода, замедляя переход к цветению.

Выявлены сорта с различной степенью чувствительности к фотопериоду. Исследование подтвердило, что короткий день ускоряет цветение, тогда как длинный день приводит к более позднему переходу к генеративной фазе и увеличению высоты растений. Понимание влияния фотопериода на рост и развитие сои может способствовать оптимизации стратегий выращивания и повышению эффективности производства сои в условиях искусственного климата.

У большинства сортов переход к генеративной фазе (начало цветения) при коротком дне наблюдался в интервале 25–30 суток после посева. Наиболее позднее вступление в фазу цветения на длинном дне зафиксировано у двух сортов на 52 сутки. Для 5 сортов отмечено стабильно раннее цветение (25–27 дней после посева) как на коротком, так и на длинном фотопериоде.

Подобранные условия анализирующего фона позволили ранжировать сорта сои по чувствительности к фотопериоду. Было показало широкое разнообразие адаптационных стратегий, что открывает перспективы для селекции. Использование маркер-ориентированной селекции позволит создавать сорта с оптимальным временем цветения и продуктивностью, адаптированные к конкретным климатическим условиям.

Финансирование: Исследование поддержано Министерством науки и высшего образования Российской Федерации (№ государственного задания FGUM-2024-0002).

СОЧЕТАНИЕ МЕТОДОВ МАРКЁР АССОЦИИРОВАННОЙ И ТРАДИЦИОННОЙ СЕЛЕКЦИИ В СОЗДАНИИ СОРТА ХЛОПЧАТНИКА ВИДА *G.BARBADENSE* СУРХАН-107

Автономов В.А., Курбонов А.Ё., Равшанов А.Э., Бакирова А.А.

Научно-исследовательский институт селекции, семеноводства и агротехнологии выращивания хлопка.
e-mail: paxta.uz@mail.ru

Созданием и возделыванием сортов хлопчатника вида *G.barbadense* занимаются в Египте, США, Индии, Судане, Китае, Узбекистане, Туркменистане, Таджикистане и других странах. Маркёр ассоциированной в сочетании с традиционными методами селекции в Mississipi University, Washington State University (США), Nanjing Agriculture University (Китай), CIRAD (Франция), CSIRO (Австралия), Институты Тонковолокнистого хлопчатника, Селекции, семеноводства и агротехнологии выращивания хлопка, Генетики и экспериментальной биологии растений (Узбекистан).

В настоящее время, используя молекулярные характеристики и ассоциированное картирование гермоплазмы хлопчатника созданы коллекции SSR маркёров (NAV, MUSS, CIR), а для генотипа, определены филогенетические связи представителей рода *Gossypium.*

Сегодня приоритеты исследований направлены на определение молекулярной характеристики генетических коллекций, в том числе гермо-плазм *G.barbadense*. Также проводится определение сцепления и ассоциированного картирования представителей вышеназванного вида, с целью выявления локусов и генов, ассоциируемых с основными признаками.

Проблема, стоящая перед селекционерами Узбекистана – ускоренное создание и внедрение в хлопководство генетически новых тонковолокнистых сортов хлопчатника, сочетающих комплекс высоких значений основных

признаков. Вышеназванную проблему решали в НИИССАВХ в рамках прикладного проекта: - «Использование ДНК маркёров в создании сортов тонковолокнистого хлопчатника» в 2021-2024 годы.

Исходя из решаемой проблемы определена цель исследований – используя ДНК маркёры в сочетании с традиционными методами селекции создать и передать в ГСИ новый сорт тонковолокнистого хлопчатника.

Задачи исследований: - комплексная полевая и лабораторная оценка раннее созданного селекционного материала; - проведение ПЦР скрининга с целью определения и выделения ген-аллелей у селекционного материала (далее образцов), с целью выделения родоначальной линии нового сорта.

В первый год исследований изучалось 96 образцов, а на второй год 49 образцов. При оценке на качество волокна использовался маркёр BNL №1604, в результате которого выделен образец 77 из гибрида [[$_{F5}$[F_{13}(С-6037 х С-6013)] х [F_{12}(5904-И х Л-6800)]]. Вышеназванный образец при оценке маркёром GbSOC1350 имеет локусы в аллели 350 п.н. сцепленные со скороспелостью. В результате оценки маркёром BNL №3255 подтвердил высокую устойчивость к *F.oxysporium*. В результате селекционно-семеноводческой проработки молекулярной и фитопоталогической оценки образцу 77 присвоен номер линии 289, которая послужила родоначальником в создании сорта Сурхан-107. Созданный оригинальный семенной материал Л-289 позволил с 2024 года проводить предварительное размножение семян сорта Сурхан-107 в элитно-семеноводческом хозяйстве предварительного размножения в Сурхандарье.

В результате проведённых исследований сделаны выводы:

- использование соответствующих ДНК маркёров и полевой оценки позволило выделить под №77, из Л-289, которая стала родоначальной сорта Сурхан-107;

- в течении 2 лет государственных испытаний Сурхан-107 проявил свои преимущества по группе основных признаков и рекомендован для широких производственных испытаний с 2026 года в Сурхандарьинской и Кашкадарьинской областях.

ФИЗИОЛОГИЧЕСКИХ% СТРАТЕГИИ АДАПТАЦИИ ХЛОПЧАТНИКА К ЭКСТРЕМАЛЬНОМУ СОЛЕВОМУ СТРЕССУ

[1]Имамходжаева А.С., [1]Рахматова Н.Р., [1]Салахутдинов И.Б., [1]Усманов Д.Э., [1] Кадирова Ш.Б., [1]Раджапов Ф.С., [1]Мирзабаев Д., [2]Мамаджанов А.

[1]Центр геномики и биоинформатики АН РУз;
[2]Институт Биофизики и биохимии при НУУз.
e-mail: iazadaxan@gmail.com

Засоление почв является одним из наиболее серьезных факторов, ограничивающих продуктивность хлопчатника. В условиях высокой концентрации NaCl в почвах устойчивость растений определяется не отдельными физиолого-биохимическими показателями, а согласованной работой нескольких защитных механизмов. Несмотря на широкое применение отдельных показателей (например, пролина) в качестве биохимического маркера солеустойчивости, отдельная его диагностическая ценность остается предметом обсуждения, поскольку различные генотипы могут использовать разные механизмы адаптации. В связи с этим совместная оценка накопления пролина и сохранности фотосинтетического аппарата представляет особый интерес для понимания физиологических основ устойчивости растений к засолению.

Выявить особенности физиологических стратегий адаптации ряда сортов хлопчатника (*G.hirsutum* L.) к экстремальному солевому стрессу на основе совместного анализа накопления пролина и содержания общего хлорофилла.

Исследование 28 сортов хлопчатника при воздействии 150 и 200 мМ NaCl показало, что усиление солевого стресса сопровождается различными физиологическими стратегиями адаптации ответа. Анализ содержания пролина и общего хлорофилла выявил, что реакция растений определяется не только интенсивностью накопления осмопротектора, но и способностью сохранять фотосинтетический аппарат.

Так, у генотипа Afsona содержание пролина увеличилось с 332,6 до 432,6 мкг·г$^{-1}$ (+30,1 %), при этом содержание общего хлорофилла возросло с 0,0938 до 0,1035 мг·г$^{-1}$, что свидетельствует о согласованной активации механизмов осмотической защиты и сохранении фотосинтетической активности.

У генотипа Buxoro-6 накопление пролина увеличилось с 430,6 до 685,5 мкг·г$^{-1}$ (+59,2 %), тогда как содержание общего хлорофилла сохранялось на высоком уровне (0,1038–0,1080 мг·г$^{-1}$), что также указывает на эффективную адаптацию к экстремальному засолению.

Вместе с тем выявлены генотипы с иной физиологической реакцией. Например, у Buxoro-102 содержание пролина снизилось с 317,2 до 217,2 мкг·г$^{-1}$ (–31,5 %), тогда как общий хлорофилл увеличился с 0,0824 до 0,1059 мг·г$^{-1}$. Такая разнонаправленная динамика свидетельствует, что поддержание фотосинтетического аппарата не всегда сопровождается дальнейшим накоплением пролина и, вероятно, обеспечивается другими механизмами устойчивости.

Полученные результаты свидетельствуют, что для оценки солеустойчивости хлопчатника целесообразно использовать комплекс физиолого-биохимических показателей, а не отдельные маркеры, поскольку

различные генотипы реализуют различные стратегии адаптации к экстремальному солевому стрессу

Совместный анализ содержания пролина и общего хлорофилла показал, что физиологический ответ изученных нами сортов хлопчатника на экстремальное засоление носит многовариантный характер. Накопление пролина как показатель солеустойчивости рекомендуется изучать с учетом состояния фотосинтетического аппарата. Комплексная оценка этих показателей позволяет более полно охарактеризовать адаптационный потенциал генотипов и представляет практический интерес для селекции солеустойчивых сортов хлопчатника.

ИЗМЕНЕНИЕ СОДЕРЖАНИЯ ФОТОСИНТЕТИЧЕСКИХ ПИГМЕНТОВ У СОРТОВ ХЛОПЧАТНИКА ПРИ ВОЗДЕЙСТВИИ СОЛЕВОГО СТРЕССА

[1]ИмамходжаеваА.С., [1]Рахматова Н.Р., [1]Салахутдинов И.Б., [1]Усманов Д.Э., [1]Кадирова Ш.Б., [1]Раджапов Ф.С., [1]Мирзабаев Д., [2]Мамаджанов А.

[1]Центр геномики и биоинформатики АН РУз;
[2]Институт Биофизики и биохимии при НУУз.
e-mail: iazadaxan@gmail.com

Солевой стресс является одним из основных факторов, ограничивающих продуктивность хлопчатника. Одним из наиболее чувствительных показателей физиологического состояния растений является содержание фотосинтетических пигментов. Их сохранение при высоких концентрациях NaCl отражает устойчивость фотосинтетического аппарата и адаптационный потенциал сорта.

Цель данного анализа - оценить влияние высоких концентраций NaCl (150 и 200 мМ) на содержание общего хлорофилла у 28 сортов хлопчатника различного происхождения.

28 сортов хлопчатника (*Gossypium hirsutum* L.) выращивали в условиях фитотрона. Через 21 сутки после обработки 150 и 200 мМ NaCl спектрофотометрическим методом определяли содержание общего хлорофилла. Полученные данные обработаны методом двухфакторного дисперсионного анализа с использованием средних значений ± SEM.

Воздействие высоких концентраций NaCl сопровождалось выраженной сортовой вариабельностью содержания общего хлорофилла. При концентрации 150 мМ максимальные значения зарегистрированы у сортов TM-1 (0,1832 мг/г FW), Ravnaq-1 (0,1486 мг/г FW), Porloq-1 (0,1462 мг/г FW) и Namangan-77 (0,1374 мг/г FW). При дальнейшем увеличении концентрации соли до 200 мМ наиболее высокое содержание общего хлорофилла сохраняли TM-1 (0,1798 мг/г FW), Xin Lu Zhong-87 (0,1662 мг/г FW), Ravnaq-1 (0,1408 мг/г FW) и Porloq-1 (0,1341 мг/г FW). Наиболее низкие значения при 200 мМ отмечены у Namangan-102 (0,0732 мг/г FW), Kupaysin (0,0794 мг/г FW) и C-4727 (0,0802 мг/г FW). Следует отметить, что у сорта Kelajak наблюдался резкий подъем при 150 мМ, затем снижение при 200 мМ. Тогда как для TM-1 наблюдалось практически стабильное содержание хлорофилла даже при 200 мМ. Сорт Porloq-1 проявил высокую устойчивость при 150 мМ и умеренное снижение при 200 мМ. Как и сорт Ravnaq-1 — также продемонстрировал хорошую стабильность. А вот сорт Xin Lu Zhong-87— интересен тем, что при 200 мМ содержание хлорофилла становится даже выше, чем в контроле.

Полученные результаты свидетельствуют, что реакция сортов на высокий уровень засоления носит выраженный сортоспецифический характер. У ряда сортов (TM-1, Ravnaq-1, Porloq-1) содержание общего

хлорофилла сохранялось на высоком уровне даже при 200 мМ NaCl, что указывает на высокую стабильность фотосинтетического аппарата. Напротив, у чувствительных сортов наблюдалось существенное снижение содержания пигментов, отражающее угнетение фотосинтетической активности.

Высокие концентрации NaCl вызывают существенные различия в состоянии фотосинтетического аппарата сортов хлопчатника. Наиболее устойчивыми по показателю содержания общего хлорофилла оказались сорта TM-1, Ravnaq-1, Porloq-1 и Xin Lu Zhong-87, тогда как Namangan-102, Kupaysin и C-4727 проявили наибольшую чувствительность. Полученные результаты подтверждают возможность использования общего хлорофилла как информативного физиологического маркера при оценке солеустойчивости сортов хлопчатника.

КОМПЛЕКСНАЯ ОЦЕНКА ВЛИЯНИЯ БИОСТИМУЛЯТОРОВ НА РОСТ И РАЗВИТИЕ ХЛОПЧАТНИКА

Камбурова В.С., Рахматова Н.Р., Салахутдинов И.Б., Ражапов Ф.С., Мирзабаев Д.А., Тожибоева Д.И., Назарова Е.Ф.

Центр геномики и биоинформатики АН РУз.
e-mail: rakhmatova_nodira@mail.ru

Засоление почв является одним из основных лимитирующих факторов производства хлопчатника, особенно в условиях орошаемого земледелия и аридного климата, где оно существенно снижает всхожесть семян, ранний рост проростков и общую продуктивность растений. В этом контексте биостимуляторы рассматриваются как перспективные экологически безопасные средства повышения устойчивости растений к стрессам, однако их интегральное воздействие на морфологическом и транскрипционном уровнях изучено недостаточно. Целью настоящего исследования являлась

интегральная оценка влияния биостимуляторов на проростки хлопчатника в условиях модельного солевого стресса (150 мМ NaCl) на основе объединённого анализа морфофизиологических признаков и экспрессии генов в единой аналитической системе.

В исследовании использовались два сорта хлопчатника (*Gossypium hirsutum* L.) — Ишонч и Порлок-1. Анализ проводился в контрольных условиях и при солевом стрессе с применением биостимуляторов (Ризоком-1, Микрозим-1 и Серхосил). Оценивались морфологические параметры (длина корня и побега), а также уровни экспрессии генов, связанных с гормональной регуляцией, антиоксидантной защитой, осмопротекцией и углеводным обменом. Для анализа взаимодействий «ген–признак» использовались методы корреляционного анализа, модульного и сетевого анализа, иерархической кластеризации, анализа главных компонент (PCA) и радарных профилей.

Результаты показали наличие высокоорганизованной системы взаимосвязей «ген–признак», при которой длина корня была более тесно связана с транскрипционной перестройкой, чем длина побега. Наиболее значимыми генами оказались *Gh_GH3.17*, *Gh_NCED5*, *Gh_OPR3* и *Gh_CAT1*, что указывает на ключевую роль гормональной регуляции и антиоксидантной защиты в формировании адаптивного ответа. Гены осмопротекторного и углеводного обмена (*Gh_P5CS*, *Gh_SPS*, *Gh_SuSy*) демонстрировали более слабые, но функционально значимые связи. Сетевой и PCA-анализ подтвердили иерархическую организацию ответа, при которой биостимуляторы преимущественно усиливают координацию между регуляторными модулями, а не просто стимулируют рост или экспрессию отдельных генов.

Выявлены выраженные генотип-специфические различия: сорт Ишонч характеризовался более согласованным и преимущественно положительным

интегральным ответом, тогда как у сорта Порлок-1 наблюдалась более неоднородная и смещённая отрицательно структура реакции на засоление. Это свидетельствует о том, что эффективность биостимуляторов определяется не только их свойствами, но и генетической способностью сорта интегрировать гормональные, антиоксидантные и метаболические сигналы в единую адаптивную программу.

В целом показано, что интегральный многоуровневый подход является наиболее информативным для оценки действия биостимуляторов при солевом стрессе, поскольку позволяет выявлять ключевые регуляторные узлы, различия между генотипами и механизмы формирования устойчивого фенотипа у хлопчатника.

ОЦЕНКА ФИЗИОЛОГИЧЕСКОЙ И АГРОБИОЛОГИЧЕСКОЙ ЭФФЕКТИВНОСТИ БИОСТИМУЛЯТОРОВ НА ХЛОПЧАТНИКЕ

Камбурова В.С., Рахматова Н.Р., Салахутдинов И.Б., Ражапов Ф.С., Мирзабаев Д.А., Тожибоева Д.И., Назарова Е.Ф.

Центр геномики и биоинформатики АН РУз.
e-mail: rakhmatova_nodira@mail.ru

Солевая нагрузка является одним из основных факторов, ограничивающих производство хлопчатника в орошаемых и засушливых условиях, существенно снижая всхожесть, ранний рост и продуктивность. Биостимуляторы рассматриваются как экологически безопасные средства повышения устойчивости растений, однако их комплексное влияние на морфологическом и транскрипционном уровнях изучено недостаточно. В данной работе проведена интегральная оценка влияния биостимуляторов на проростки хлопчатника при модельном солевом стрессе (150 мМ NaCl) на основе морфофизиологических признаков и экспрессии генов.

Два сорта хлопчатника (*Gossypium hirsutum* L.) — Ishonch и Porloq-1 — исследовались в условиях контроля и солевого стресса с применением биостимуляторов (Rhizocom-1 и др.). Анализировались гены гормональной регуляции, антиоксидантной защиты, осмопротекции и углеводного обмена с использованием корреляционного анализа, кластеризации, PCA, сетевого анализа и радар-профилирования.

Результаты показали согласованную систему «ген–признак», где длина корня была более тесно связана с транскрипционными изменениями, чем длина побега. Ключевыми генами оказались Gh_GH3.17, Gh_NCED5, Gh_OPR3 и Gh_CAT1, что подчеркивает ведущую роль гормональной и антиоксидантной регуляции. Осмопротекторные гены (Gh_P5CS, Gh_SPS, Gh_SuSy) обеспечивали дополнительную стабилизацию системы.

Обнаружены генотип-специфические различия: Ishonch демонстрировал более интегрированную положительную структуру ответа, тогда как Porloq-1 — более неоднородную реакцию на засоление. Эффективность биостимуляторов зависела как от типа обработки, так и от генетического потенциала сорта.

МОЛЕКУЛЯРНО-БИОЛОГИЧЕСКАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА ОСНОВНЫХ ВИРУСНЫХ ПАТОГЕНОВ КАРТОФЕЛЯ

Кушаков Ш.О.

Центр геномики и биоинформатики АН РУз.
e-mail: kushakovsukhrat74@gmail.com

Вирусные заболевания являются одной из основных причин снижения продуктивности и качества картофеля. Особое значение имеют Potato virus Y (PVY), Potato virus X (PVX), Potato leafroll virus (PLRV), Potato virus A (PVA), Potato virus S (PVS) и Potato virus M (PVM), широко распространённые в

различных регионах мира. Существенную фитосанитарную опасность также представляет Potato spindle tuber viroid (PSTVd) — вироид, поражающий картофель и другие культуры семейства Solanaceae. Широкое распространение вирусных патогенов обусловлено их высокой инфекционностью, возможностью латентного течения инфекции, передачей с заражённым посадочным материалом и распространением насекомыми-переносчиками.

Цель работы – систематизация основных вирусных патогенов картофеля на основе молекулярно-биологических особенностей и оценка подходов к диагностике и контролю вирусных инфекций.

Проведён анализ литературных данных о таксономической принадлежности, типе генетического материала, особенностях распространения и основных симптомах инфекций, вызываемых PVY, PVX, PLRV, PVA, PVS, PVM и PSTVd. Особое внимание уделено возможностям молекулярной диагностики вирусных патогенов с использованием методов выделения нуклеиновых кислот, обратной транскрипции и полимеразной цепной реакции (RT-PCR/PCR), а также молекулярного типирования.

Установлено, что большинство наиболее значимых вирусов картофеля относятся к РНК-содержащим вирусам, принадлежащим к различным таксономическим группам. PVY и PVA относятся к роду *Potyvirus*, PVX — к роду *Potexvirus*, PVS и PVM — к роду *Carlavirus*, а PLRV — к роду *Polerovirus*. Инфекция может протекать как с выраженными симптомами, включая мозаику, хлороз, деформацию и скручивание листьев, так и в латентной форме, что существенно затрудняет визуальную диагностику. Особую диагностическую сложность представляют смешанные инфекции, при которых симптомы отдельных патогенов могут маскировать друг друга.

PSTVd принципиально отличается от вирусов отсутствием белок-кодирующих генов. Он представляет собой небольшую кольцевую одноцепочечную молекулу РНК и относится к вироидам. Его выявление требует применения молекулярно-диагностических подходов, позволяющих обнаруживать специфические последовательности патогена даже при отсутствии выраженных внешних симптомов.

Молекулярно-биологический подход позволяет повысить эффективность выявления вирусных патогенов картофеля, особенно при латентных и смешанных инфекциях. Использование методов PCR/RT-PCR и последующего молекулярного типирования может служить основой для мониторинга вирусного состояния посадочного материала, оценки распространённости отдельных вирусов и разработки эффективных систем оздоровления семенного картофеля.

РАСШИРЕНИЕ ГЕНЕТИЧЕСКОГО ПОТЕНЦИАЛА TRITICUM AESTIVUM L. ЗА СЧЁТ ИНТРОГРЕССИИ ГЕНОВ ДИКОРАСТУЩИХ СОРОДИЧЕЙ РОДА *AEGILOPS* L.

Кушбакова М.Р., Эржигитов Д.Ш., Эрназарова Д.К., Кушанов Ф.Н.

Институт генетики и экпериментальной биологии растений академии наук Республики Узбекистан.
e-mail: igebr@academy.uz.

Мягкая пшеница *Triticum aestivum* L. – одна из важнейших сельскохозяйственных культур, по объему производства зерна занимающая третье место в мире после риса и кукурузы (Biodiversity, 2024). Однако её потенциальная урожайность во многом зависит от устойчивости к неблагоприятным абиотическим и биотическим факторам внешней среды. Современные климатические изменения, сопровождающиеся учащением

экстремальных засух, резких температурных колебаний и вспышек фитопатогенов, создают серьезные риски для глобальной продовольственной безопасности. Процессы доместикации и длительной селекции, ориентированные преимущественно на повышение продуктивности в регулируемых условиях, привели к значительному обеднению генетического разнообразия современных коммерческих сортов пшеницы. Эффект «бутылочного горлышка» ограничил адаптивный потенциал культуры, сделав агроценозы высокоуязвимыми к стрессам. В связи с этим расширение генетического разнообразия на основе использования генофонда дикорастущих сородичей остаётся ключевой и наиболее актуальной задачей современной генетики и биотехнологии растений. Виды — сородичи культурных растений — это виды эволюционно-генетически близкие к культурным растениям, входящие в один род или родственные таксоны, пригодные для скрещивания с введением ценных качественных признаков, таких как устойчивость к био- и абиотическим стрессам, дефициту микроэлементов, эффективный фотосинтез и высокая пластичность. Дикорастущая флора представляет собой неисчерпаемый резервуар аллелей, прошедших жесткий естественный отбор на протяжении миллионов лет. Необходима последующая интрогрессия этих аллелей в геномы лучших коммерческих сортов, потерявших широкий полиморфизм в процессе селекции и многовекового возделывания. Ряд исследователей полагает, что изучение видов-сородичей и идентификация конкретных видов-доноров позволит не только обогатить существующие сорта, но и совершить направленный ресинтез культур, радикально улучшив их генетическое содержание и структуру.

Существует лишь небольшое число сородичей, хромосомы которых способны конъюгировать с хромосомами пшеницы, что позволяет переносить полезные гены данных видов в пшеницу путём прямого скрещивания. Особое место в этом процессе занимают виды рода эгилопс (*Aegilops* L.), которые внесли значительный вклад в эволюцию и селекцию пшеницы, несмотря на выраженные технологические трудности, связанные с работой с дикими видами. Среди них *Ae. tauschii* чаще всего используется в программах селекции пшеницы, поскольку данный вид имеет гомологичный геном D и легко скрещивается с тетраплоидной и гексаплоидной пшеницей. Использование *Ae. tauschii* позволяет напрямую обогащать D-геном мягкой пшеницы генами устойчивости к ржавчинным грибам, мучнистой росе и генами качества зерна. Другие виды эгилопсов сложнее использовать в селекции из-за низкого сродства их геномов и, как следствие, более низкой частоты мейотической рекомбинации. Их включение в селекционный процесс возможно только после обширных, многоэтапных и трудоёмких процедур в виде создания транслокационных или интрогрессионных линий.

Для большинства таких видов необходимо предварительно создавать синтетические полиплоидные формы (амфидиплоиды) для обеспечения стабильной передачи генетического материала от диких сородичей в геном культурного злака. Систематический скрининг коллекций диких сородичей позволяет выявлять новые эффективные гены устойчивости (например, гены Sr, Lr, Yr), способные противостоять постоянно эволюционирующим расам патогенов. Помимо этого, вовлечение эгилопсов с U, M, C и S геномами открывает перспективы для улучшения солеустойчивости и засухоустойчивости пшеницы. Интеграция методов маркер-ориентированной селекции (MAS) и геномного редактирования существенно ускоряет детекцию и перенос целевых локусов количественных признаков (QTL),

минимизируя эффект «генетического груза» — сцепленного переноса нежелательных признаков дикого сородича. Таким образом, мобилизация потенциала дикорастущих сородичей рода *Aegilops* L. является стратегическим приоритетом для создания сортов пшеницы нового поколения, сочетающих высокую продуктивность с экологической стабильностью.

ВЫДЕЛЕНИЕ УСТОЙЧИВЫХ К ЗАСУХЕ ЛИНИЙ УДВОЕННЫХ ГАПЛОИДОВ ГЕКСАПЛОИДНОГО ТРИТИКАЛЕ ПО МОРФОФИЗИОЛОГИЧЕСКИМ ПРИЗНАКАМ

Лагуновская Е.В., Буракова А.А., Лемеш В.А., Булойчик А.А.

Государственное научное учреждение «Институт генетики и цитологии Национальной академии наук Беларуси».
e-mail: e.lagunovskaya@igc.by

Ключевым ограничением селекции гексаплоидного тритикале (× *Triticosecale* Wittm.) является низкая пластичность сортов, обусловленная ограниченным генетическим разнообразием исходного материала. Одним из перспективных подходов создания нового селекционного материала является получение линий удвоенных гаплоидов (DH-линий) в культуре пыльников *in vitro*.

Засухоустойчивость – одна из важнейших характеристик культурных растений, поскольку именно засуха является главным абиотическим фактором, ограничивающим урожайность. Устойчивость к засухе определяется двумя группами адаптационных механизмов: направленными на улучшение снабжения растения водой и повышающими эффективность использования уже имеющейся в растительном организме воды. Эффективность использования воды растением контролируется каскадной системой множества регуляторных и функциональных генов, что осложняет

прямую фенотипическую оценку степени устойчивости к засухе в полевых условиях. Применение растворов осмотиков (сахарозы, маннитола, полиэтиленгликоля и др.) позволяет моделировать условия засухи в лабораторных экспериментах и эффективно отбирать устойчивые формы.

Объектом исследования являлась коллекция из 36 генотипов гексаплоидного тритикале, состоящая из 34 линий удвоенных гаплоидов полученных методом индуцированного андрогенеза в культуре пыльников *in vitro*, ярового, озимого и факультативного (двуручка) типов развития, а также 2 сортов-стандартов. Оценку морфофизиологических признаков (энергию прорастания и всхожесть семян) у генотипов тритикале проводили с использованием 10,5% осмотического раствора сахарозы, имитирующего условия засухи.

Полученные нами результаты позволили разделить исследуемые формы гексаплоидного тритикале на 4 группы, различающиеся по степени устойчивости к засухе:

– высокоустойчивые (16 генотипов): DH25-2-3-13, DH25-2-3-15, DH(43-2)-1-12, DH(43-5)-1-12, DH50-1-80, DH96-4-10-3, DH80-3-13, DH81-1-13, DH81-3-13, DH81-5-13, DH82-4-13, DH84-1-13, DH85-3-13, DH85-4-13, DH1-26-36-15, Динамо;

– с устойчивостью выше средней (12 генотипов): DH0-4-12, DH10-1-08-1, DH1-41-52-15, DH2-50-16-15, DH97-2-1-15, DH2-50-15-15, DH77-13-1p, DH77-1-13, DH80-4-13, DH81-3-1-13, DH81-6-13, DH82-6-13;

– среднеустойчивые (6 генотипов): DH-(7-16)-1-11-1, DH25-5-09, DH99-6-2-15, DH1-53-14-15, DH82-1-13, Узор;

– слабоустойчивые (2 генотипа): DH80-1-13, DH82-3-13.

Таким образом, использование метода экспресс-оценки с применением осмотических растворов в лабораторных условиях позволяет предварительно

дифференцировать селекционный материал по признаку засухоустойчивости. Выделенная группа из 16 высокоустойчивых DH-линий представляет собой ценный источник для получения нового селекционного материала гексаплоидного тритикале с целью создания сортов, адаптированных к засушливым условиям выращивания.

Работа выполнена при финансовой поддержке Белорусского республиканского фонда фундаментальных исследований (договор Б26-059), «Идентификация линий удвоенных гаплоидов тритикале по комплексу генетических локусов, ассоциированных с устойчивостью к абиотическим факторам среды».

СОДЕРЖАНИЕ ХЛОРОФИЛЛА В ЛИСТЬЯХ И МЕЖСОРТОВОЕ СТАТИСТИЧЕСКОЕ КЛАСТЕРИЗАЦИЯ У ГЕНОТИПОВ МАЛИНЫ

Маматкулова Г.Ф., Рахимова Н.М., Кушбакова М.Р., Эрназарова Д.К., Кушанов Ф.Н.

Институт генетики и экпериментальной биологии растений академии наук Республики Узбекистан.
e-mail: gavhar0411@gmail.com

Малина (*Rubus idaeus* L.) в мировом масштабе является одной из ягодных культур, имеющих высокое экономическое значение и широко выращиваемых. Продуктивность и устойчивость растений к абиотическим стресс-факторам зависят от активности их фотосинтетического аппарата, в частности, от количества хлорофилла в составе листьев. В современных исследованиях при определении индекса хлорофилла в листьях растений широко используются такие не деструктивные, быстрые и высокоточные оптические приборы, как SPAD-502Plus. Данный показатель позволяет на начальных этапах оценивать фотосинтетический потенциал генотипов и их

адаптационную способность к различным почвенно-климатическим условиям.

В качестве объекта исследования было выбрано 18 перспективных сортов малины. Относительное содержание хлорофилла в листьях измеряли в течение вегетационного периода с помощью хлорофиллометра SPAD-502Plus (Konica Minolta, Япония) не деструктивным методом на хорошо развитых, здоровых листьях среднего яруса растения. Статистический анализ и процессы множественного сравнения полученных первичных данных осуществлялись с помощью теста Tukey HSD ($p=0.05$). Для каждого генотипа рассчитывали среднее значение (Mean), стандартное отклонение (SD) и коэффициент вариации (CV, %).

В результате анализов исследований были обнаружены широкие диапазоны и статистически достоверные вариации показателей индекса хлорофилла (SPAD) изученных сортов малины в зависимости от генотипических особенностей. По результатам теста Tukey HSD, самый высокий показатель SPAD был зафиксирован у сорта Sariq gigant (46.75 ± 0.4 SPAD), и он занял абсолютно высшую группу (a) в статистическом отношении. Также сорта Dnepr (45.18 ± 0.6), Zyugan sariq (44.92 ± 0.7) и Zyugana qizil (44.42 ± 0.6) проявили высокие показатели, достоверно не отличались между собой и разместились в группах "ab/abc". Данные генотипы выделяются тем, что обладают высоким фотосинтетическим потенциалом.

Напротив, самое низкое количество хлорофилла было определено у сортов Tibetskiy (35.79 ± 0.5) и Ximbo Top (36.18 ± 0.6), и по статистическому анализу они заняли самую нижнюю группу (g). Это состояние показывает, что у данных двух сортов количество пигмента, приходящееся на поверхность листа, меньше по сравнению с другими, и интенсивность

фотосинтеза может быть более слабой. В средней группе ("bcde", "cdef", "def") кластеризовалось очень большое количество сортов (Polonez, Delniva, Vayolet, Enrosadira, Dolomiya и др.), что свидетельствует о сходстве стабильности их пигментной системы. Коэффициент вариации (CV, %) у большинства сортов находился в низком диапазоне (4.62% - 9.44%), что подтверждает выполнение измерений опыта с высокой точностью и в однородных условиях. Только у сорта Karamelka значение CV было немного выше (10.7%), и было замечено, что его внутригрупповая изменчивость шире по сравнению с остальными культурами.

Вывод. Среди изученных 18 генотипов малины показатели высокого накопления хлорофилла в листьях сортов Sariq gigant, Dnepr и Zyugan sariq составили высокий показатель, и они рекомендуются в селекции в качестве источников, обладающих высокой фотосинтетической продуктивностью.

ИЗМЕНЕНИЕ ЭКСПРЕССИИ ГЕНОВ АУКСИНОВОГО ПУТИ У ТОМАТА ПОД ВЛИЯНИЕМ БАКТЕРИЗАЦИИ НА РАННИХ ЭТАПАХ ОНТОГЕНЕЗА

Мартиновская Н.А., Анисимова Н.В., Дрозд Е.В., Кильчевский А.В.

Государственное научное учреждение «Институт генетики и цитологии Национальной академии наук Беларуси».
e-mail: n.martinovskaya@igc.by

Ризосферные растительно-микробные взаимодействия являются существенным фактором регуляции роста и развития растений в природных и агроэкосистемах. Характер генотип-специфичных взаимоотношений партнеров определяется составом корневых экссудатов и чувствительностью растений к бактериальным метаболитам, молекулярные механизмы действия которых остаются малоизученными.

Целью исследования стал поиск генов томата, ассоциированных с сортоспецифической реакцией на бактеризацию. Проведено изучение биометрических показателей 6 генотипов томата в контрольном варианте и при инокуляции семян штаммом *Burkholderia* sp.418. Подтверждены различия по признакам ауксин-зависимого роста: «средняя длина корешка», «средняя масса проростка».

С использованием ресурса NCBI для оценки относительной экспрессии выбраны гены транспорта ауксина (*SlPIN1*, *SlPIN2*, *SlLAX1*), ауксинового сигналинга (*SlIAA3*, *SlIAA9*, *SlIAA19*, *SlIAA16*, *SlARF4*, *SlARF2A*), раннего ответа и гомеостаза ауксина (*SAUR15*, *GH3.2*, *GH3.4*), корнеобразования (*LRP1*). Гены *EF1α*, *TIP41*, *CAC* использовались в качестве нормализаторов.

Выполнена оценка экспрессии генов-кандидатов на 6 временных точках с интервалом 3-4 дня. Сравнение уровней экспрессии между контролем и вариантом с бактеризацией проводили по значению ratio модели Pfaffl (2001). Наиболее вариабельные разнонаправленные значения ratio отмечены для гена *SlPIN2*, регулирующего перераспределение потока ауксинов. В варианте с бактеризацией выявлено повышение экспрессии *SlLAX1* у генотипов Линия 164 и Micro-Tom (ratio 1,43 и 1,94 соответственно). Ген *IAA19*, участвующий в ауксин-зависимой регуляции роста корня, при бактеризации показывал однонаправленное повышение экспрессии у всех генотипов с различиями по временным точкам. Биометрические данные согласовались с профилями экспрессии генов, что позволило рассматривать наблюдаемые фенотипические эффекты как результат различий в координации транспорта, сигналинга и метаболизма ауксина.

Работа выполнена при поддержке БРФФИ (№ Б25-111).

ИДЕНТИФИКАЦИЯ ГЕНОВ УСТОЙЧИВОСТИ К БУРОЙ РЖАВЧИНЕ У ЛИНИЙ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ С ИНТРОГРЕССИЯМИ ЧУЖЕРОДНОГО ГЕНЕТИЧЕСКОГО МАТЕРИАЛА

Орловская О.А., Яцевич К.К., Кильчевский А.В.

Государственное научное учреждение «Институт генетики и цитологии Национальной академии наук Беларуси».
e-mail: O.Orlovskaya@igc.by

Бурая ржавчина (возбудитель *Puccinia triticina* Eriks.) представляет одну из наиболее серьёзных угроз для возделывания мягкой пшеницы (*Triticum aestivum* L.), так как данное заболевание широко распространено во всех регионах выращивания пшеницы и может приводить к значительным потерям урожая. Экономически выгодным и экологически безопасным способом защиты растений от грибных болезней является использование устойчивых сортов. Известно, что эффективность широко распространенных генов устойчивости со временем снижается, появляются новые вирулентные биотипы патогенов, способные нанести существенный урон посевам культурных злаков. В связи с этим, поиск новых генов устойчивости к бурой ржавчине (*Lr*-генов) – актуальная задача в селекции пшеницы. Источником таких генов могут служить родственные виды, которые часто характеризуются высоким иммунитетом к различным заболеваниям. Молекулярные маркеры позволяют выявлять *Lr*-гены, что значительно облегчает проведение первичного скрининга селекционного материала. В рамках данного исследования проведена идентификация *Lr*-генов в коллекции, включающей сорта, родственные виды мягкой пшеницы, линии с чужеродным генетическим материалом, с использованием молекулярных маркеров. В исследование включены 90 генотипов пшеницы: созданные нами линии мягкой пшеницы с генетическим материалом *T. dicoccoides, T.*

dicoccum, *T. durum*, *T. kiharae*, *T. spelta* (48 линий); линии с генетическим материалом *T. timopheevii*, полученные в Институте цитологии и генетики СО РАН (21 линия); родительские формы (21 генотип). Для идентификации генов устойчивости подобраны ДНК-маркеры, описанные в литературе. В качестве положительных контролей использовали образцы пшеницы, несущие известные гены устойчивости к бурой ржавчине.

Проведена идентификация 18 генов устойчивости к бурой ржавчине, из них 13 генов ювенильной устойчивости (*Lr10, Lr11, Lr16, Lr17a, Lr19, Lr20, Lr24*, *Lr28*, *Lr29*, *Lr32*, *Lr39*, *Lr53*, *Lr65*) и 5 генов возрастной устойчивости (*Lr34*, *Lr35*, *Lr46*, *Lr67*, *Lr68*). У 17 образцов (18,9%) маркеры идентифицированных *Lr*-генов не выявлены. Наибольшее распространение в исследованном материале получили гены ювенильной устойчивости *Lr53*, *Lr20, Lr17a, Lr65, Lr10*, которые обнаружены у 27,8%; 22,2%, 22,2%, 21,1%, 15,6% генотипов соответственно. Реже встречались гены возрастной устойчивости: *Lr68* выявлен у 6 генотипов, а ген *Lr34* – у 2. Изученные гены обнаружены как по отдельности, так и в различных сочетаниях. По три гена устойчивости к бурой ржавчине имели 8 генотипов, по два *Lr*-гена – 11 генотипов. Наиболее часто в нашей коллекции встречалось сочетание генов *Lr20* + *Lr53* (8 генотипов). В данной коллекции не выявлены гены *Lr11*, *Lr16*, *Lr19*, *Lr24*, *Lr28*, *Lr29*, *Lr32*, *Lr35*, *Lr39*, *Lr46* и *Lr67*.

В настоящее время предпочтение отдается генам возрастной устойчивости, эффект которых сохраняется в течение длительного периода, а также различным комбинациям генов ювенильной и возрастной устойчивости. В нашей коллекции выявлены как генотипы с единичными генами устойчивости, так и с различными сочетаниями двух и трех *Lr*-генов, которые представляют интерес для дальнейшей оценки их эффективности против местной популяции патогена.

ПРОБЛЕМА ДИФФЕРЕНЦИАЦИИ ТРАНСГЕННОЙ И ВИРУСНОЙ ДНК ПРИ СКРИНИНГЕ ГМО МЕТОДОМ ПЦР-РВ В ПРОДУКЦИИ, СОДЕРЖАЩЕЙ РАСТЕНИЯ СЕМЕЙСТВА КРЕСТОЦВЕТНЫХ

Остапчик В.С., Мозгова Г.В., Кривецкая А.М., Дробот Н.И., Островская А.Н.

Государственное научное учреждение «Институт генетики и цитологии Национальной академии наук Беларуси».
e-mail: ldgmo@igc.by

В рутинной практике аккредитованных лабораторий, осуществляющих контроль пищевой продукции, кормов и сырья на наличие ГМО, скрининг методом ПЦР в режиме реального времени (ПЦР-РВ) является наиболее распространённым подходом. Как правило, анализ базируется на детекции регуляторных элементов, наиболее часто используемых при конструировании трансгенных конструкций. Стандартный алгоритм включает поиск мишеней в последовательностях промоторов и терминаторов, таких как *P-35S, P-FMV, P-SsuAra, T-NOS, T-E9,* а также селективных и целевых генов (*bar, pat, cp4-epsps, nptII,* и др.). Наибольшее распространение в коммерческих ГМ-линиях получил промотор *35S* вируса мозаики цветной капусты (*CaMV 35S*), который обеспечивает высокий уровень экспрессии трансгенов в клетках растений.

Вирус мозаики цветной капусты (*CaMV*) поражает растения семейства Крестоцветных (*Brassicaceae*), к которому относятся не только рапс, но и цветная капуста, брокколи, белокочанная капуста, репа, горчица и другие культуры. При проведении скрининга ГМО в образцах, содержащих крестоцветные, возникают ситуации, когда регистрируется положительный сигнал только по промотору *35S* при отрицательных результатах по остальным скрининговым элементам. Такие ситуации возникают как при исследовании монопродуктов (семена рапса, цветная капуста, брокколи), так и при исследовании многокомпонентных образцов, содержащих в своём

составе крестоцветные культуры (например, замороженные овощные смеси, гарниры, продукты детского питания).

Положительный сигнал только по *P-35S* может свидетельствовать о присутствии ГМО (с трансгенной конструкцией, содержащей только этот промотор или его комбинацию с другими элементами, не входящими в схему скрининга), о заражении растения вирусом *CaMV* при отсутствии ГМО, либо о сочетанном присутствии обоих факторов (инфицированное трансгенное растение).

ГОСТ ИСО 21569-2009, действующий в Республике Беларусь, прямо указывает на необходимость исключения влияния вирусной инфекции. Стандарт предполагает постановку реакции на выявление ДНК вируса мозаики цветной капусты, однако детальная методика такого анализа и критерии принятия решения в данном стандарте не описаны. Это создает риск выдачи ложноположительных заключений для добросовестных производителей продукции и сельхозпредприятий, выращивающих традиционные сорта крестоцветных. В настоящее время подавляющее большинство коммерческих тест-систем, применяемых в лабораториях Беларуси и разработанных в соответствии с ГОСТ ИСО 21569-2009, при выявлении вируса не позволяют дифференцировать природу промотора *CaMV 35S*.

Для устранения данной методологической неопределенности необходима разработка и валидация процедуры дифференциации вируса и ключевых трансгенов, характерных для всех одобренных ГМ-линий отдельных видов семейства Капустные, содержащих промотор P-35S, а также последующая регламентация данной процедуры в национальных технических нормативных правовых актах и внедрение в состав схем скрининга аккредитованных лабораторий.

МОЛЕКУЛЯРНЫЕ ФАКТОРЫ, ВЛИЯЮЩИЕ НА БИОСИНТЕЗ ЦЕРУЛОПЛАЗМИНА

Поляруш С.В., Рыскулов Ф.Т., Масаидова И.Б., Пак А.А.

Linnaeus Biomed Centre
Институт иммунологии и геномики человека Академии наук Республики Узбекистан.
e-mail: iroda_2727@mail.ru

Церулоплазмин является основным медьсодержащим белком плазмы крови, обеспечивающим транспорт меди, поддержание обмена железа и антиоксидантную защиту организма. Снижение уровня церулоплазмина наблюдается при ацерулоплазминемии, болезни Вильсона–Коновалова и других наследственных нарушениях обмена меди. Несмотря на значительное количество исследований, посвященных структурным вариантам кодирующей части гена CP, роль cis-регуляторных элементов промоторной области в нарушении экспрессии данного гена остается недостаточно изученной.

Целью настоящего исследования явилось изучение молекулярных факторов, влияющих на биосинтез церулоплазмина, путем анализа фенотипических особенностей пациентов, нуклеотидной последовательности проксимального промотора гена CP и прилегающих кодирующих участков.

В исследование были включены 120 детей с подозрением на нарушение биосинтеза церулоплазмина и 130 практически здоровых детей контрольной группы. В результате исследования впервые для детской популяции Республики Узбекистан предложено фенотипическое ранжирование пациентов по уровню церулоплазмина (≈5,5–10; ≤16; 17–25 и >25 мг/дл), позволяющее объективно выделять пациентов, нуждающихся в углубленном молекулярно-генетическом обследовании. При анализе проксимального промотора гена CP выявлены нуклеотидные замены −160A>G, −127A>T,

−117C>T, −62T>C и −37A>G, отсутствовавшие у обследованных лиц контрольной группы. Установлено, что данные варианты ассоциированы со стабильно низкими концентрациями церулоплазмина (≈8,5–11,0 мг/дл) и могут рассматриваться в качестве перспективных кандидатов для дальнейшей функциональной валидации и разработки таргетного молекулярного скрининга.

При исследовании кодирующей области выявлена связь замен 17T>G (Leu→Arg) и 187G>A (Val→Ile) со снижением уровня церулоплазмина (≈8,5–16,7 мг/дл). Кроме того, показано, что присутствие редких кодонов ATA и ACG вблизи старт-кодона потенциально способно снижать эффективность трансляции без изменения аминокислотной последовательности белка.

Полученные результаты расширяют современные представления о молекулярных механизмах регуляции экспрессии гена CP и свидетельствуют о существенной роли cis-регуляторных элементов в развитии ацерулоплазминемии и гипоцерулоплазминемии.

ИЗУЧЕНИЕ ВОДОУДЕРЖИВАЮЩЕЙ СПОСОБНОСТИ И ПОКАЗАТЕЛЕЙ RWC У РАЗЛИЧНЫХ ГЕНОТИПОВ МАЛИНЫ

Рахимова Н.М., Маматкулова Г.Ф., Эрназарова Д.К., Кушанов Ф.Н.

Институт генетики и экпериментальной биологии растений академии наук Республики Узбекистан.
e-mail: gavhar0411@gmail.com

Малина (*Rubus idaeus* L.) благодаря своим лечебным свойствам, питательной ценности (фруктоза, глюкоза), витаминам (A, B, C, E, PP) и наличию биологически активных веществ имеет очень большое значение в медицине, народном хозяйстве и диетологии. Малина является одной из самых широко выращиваемых в мире и имеющих высокое экономическое

значение ягодных культур. В последние годы в результате роста спроса на здоровое питание и функциональные продукты питания интерес к выращиванию и селекции этой культуры все более усиливается.

Rubus idaeus L. очень чувствительна к абиотическим стресс-факторам внешней среды, особенно к обезвоживанию. Оптимальный водный режим стеблей и листьев растений является основным фактором, обеспечивающим их нормальные физиологические процессы и высокую продуктивность. Относительное водное содержание листьев (RWC — *Relative Water Content*) служит одним из самых надежных физиологических показателей при оценке уровня обеспеченности растений водой и их засухоустойчивости.

В качестве объекта исследования было взято 18 сортов малины (Enrosadira, Karamelka, Polka, Polonez, Maravila, Ximbo top, Zyugana qizil, Dnepr, Pronik, Dolomiya, Heritage, Sariq gigant, Violet, Orange chudo, Tibetskiy, Delniva, Amarant, Zyugana sariq). Относительное водное содержание листьев определяли с помощью стандартного весового метода согласно Barrs и Weatherley (1962). Статистическая достоверность полученных данных была проанализирована с помощью теста Tukey HSD (p=0.05).

Полученные результаты и их обсуждение. В результате проведенных лабораторных анализов были обнаружены значительные вариации между показателями RWC изученных сортов малины. Самое высокое относительное водное содержание было зафиксировано у сортов Enrosadira (89.69 ± 0.4%) и Karamelka (89.37 ± 1.0%). Эти сорта статистически составили группу с наивысшими показателями (a), что свидетельствует о высокой водоудерживающей способности и устойчивости к абиотическому стрессу этих сортов. Также сорта Polka (88.81 ±0.7%), Polonez (88.81 ±0.4%), Maravila (88.42 ±0.6%) и Ximbo top (88.20 ±0.1%) проявили высокие показатели

водного баланса и статистически не отличались между собой. Самые низкие показатели RWC наблюдались у сортов Zyugana sariq (82.99 ±0.2%), Amarant (83.04 ±0.5%), Delniva (83.17 ± 0.3%) и Tibetskiy (83.76 ± 0.5%), и по статистическому анализу они разместились в самой нижней группе (g). Это показывает, что данные генотипы могут быть более чувствительными по отношению к условиям обезвоживания. Коэффициент вариации (CV) у всех сортов в основном был в низком диапазоне (0.32% - 2.12%), что подтверждает выполнение результатов опыта с высокой точностью и однородность полученных данных. Только у сорта Violet показатель CV был немного выше (10.1%).

Среди изученных генотипов малины сорта Enrosadira и Karamelka выделились высоким показателем RWC листьев, и их рекомендуется использовать в будущем в качестве перспективного источника в селекционных процессах, а также при выращивании в засушливых регионах.

ИССЛЕДОВАНИЕ ПОЛИМОРФИЗМА ГЕНОВ *STAT1, STAT3, STAT5* ГОЛШТИНСКОГО СКОТА БЕЛОРУССКОЙ СЕЛЕКЦИИ

Романишко Е.Л., Михайлова М.Е.

Институт генетики и цитологии НАН Беларуси.
e-mail: lenaramanishko@mail.ru

Фертильность крупного рогатого скота (КРС) — ключевой фактор рентабельности молочного животноводства. Интенсивная селекция голштинской породы на высокую продуктивность часто приводит к снижению воспроизводительной способности животных. В связи с этим актуальным направлением является поиск генетических маркеров плодовитости. Перспективными кандидатами выступают гены семейства

STAT, продукты которых регулируют транскрипцию белков, отвечающих за иммунный ответ, рост клеток и метаболизм во время беременности и лактации. Поэтому целью нашего исследования стало - изучить полиморфизм генов *STAT1* (rs43705173 G>A), *STAT3* (rs110942700 T/C), (rs134279188 T/G), *STAT5* (rs208753173 G/A) у КРС голштинской породы белорусской селекции и оценить их связь с показателями молочной продуктивности.

Объектом исследований были коровы голштинской породы белорусской селекции (n=234 гол.). Материалом для исследования послужила ДНК, выделенная из биологического материала проб ткани (ушной выщип). Для выделения ДНК использовали набор реагентов «Нуклеосорб» («Праймтех», Беларусь). Количество выделенной ДНК определяли с помощью флуориметра DeNovix. Для идентификации 4-х SNP генов активации транскрипции использован метод конкурентной-аллель специфической ПЦР (KASP).

Анализ выборки показал для гена *STAT1* (rs432705173) преобладание нежелательного гомозиготного генотипа CC с частотой 55,4%, в то время как предпочтительный генотип TT и CT встречаются с частотой 6,8% и 37,8 % соответственно. Анализ выборки по гену *STAT3* (rs110942700)**,** показал высокую частоту нежелательного генотипа TT 21,9% и CT - 54,1%, в то время как животные с гомозиготным предпочтительным генотипом встречались с частотой 24 %. По гену *STAT5A* (rs208753173) в популяции преобладали особи с нежелательным гомозиготным генотипом *GG* 58,1% и AG - 37,2 %, в то время как животные с предпочтительным генотипом AA – 4,7 %. По гену *STAT3* (rs134279188) выявлены животные с предпочтительным генотипом TT и TG – 8,1 % и 52,3%, соответственно.

При сравнении средних значений показателей молочной продуктивности коров с разными генотипами были получены следующие данные: 1) ген *STAT1* (rs43705173) - коровы с генотипом *CC* (нежелательным по воспроизводству) превосходили особей *TT* и *CT* по удою на 1728 кг или на 15,4% и 287 кг или 2,5%, а по выходу молочного жира — на 98,2 кг и 59,3 кг соответственно. 2) ген *STAT3* (rs110942700) - животные с желательным генотипом *CC* по воспроизводительным качествам, показали и наилучшую молочную продуктивность. Их удой превышал показатели групп *TT* и *CT* на 84,6 кг и 52,8 кг; количество жира — на 60,8 кг и 79,3 кг; количество белка — на 13,5 кг или 3,7% и 7,2 кг или 2,0% соответственно. 3) ген *STAT3* (rs134279188) - особи с генотипами *TT* и *TG* (желательными по воспроизводству) также оказались наиболее предпочтительными по показателям молочной продуктивности. Животные с генотипом *GG* уступали гомозиготам *TT* по удою на 1123,4 кг, по выходу жира — на 99,9 кг, по выходу белка — на 42,3 кг. 4) ген *STAT5A* (rs208753173) - коровы с нежелательными по воспроизводству генотипами *AG* и *GG* лидировали по удою, обойдя гомозигот *AA* на 1663 кг или 15,9% и 752,8 кг или 7,9% соответственно. При этом максимальное содержание жира в молоке отмечено у гетерозигот *AG* (+68,5 кг к уровню *AA*).

Полученные данные подтверждают целесообразность использования полиморфизмов генов *STAT1, STAT3, STAT5* в селекционных программах в качестве молекулярно-генетических маркеров КРС белорусской селекции для улучшения фертильности и экономически важных признаков молочной продуктивности (удою, % белка и жира в молоке).

ВЫДЕЛЕНИЕ ГЕНОМНОЙ ДНК ИЗ ГРИБА Sclerotinia sclerotiorum (Lib.) de Bary ДЛЯ МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИХ ИССЛЕДОВАНИЙ

Хамдамова З.О.

Ташкентский государственный аграрный университет
e-mail: ibragimovaziyoda3@gmail.com

Sclerotinia sclerotiorum (Lib.) de Bary является одним из наиболее опасных некротрофных фитопатогенных грибов, поражающих более 400 видов культурных растений, включая овощные, технические и масличные культуры. Возбудитель вызывает белую гниль, приводящую к значительным потерям урожая и ухудшению качества сельскохозяйственной продукции. В связи с широким распространением заболевания особую актуальность приобретают молекулярные методы диагностики и изучения генетического разнообразия патогена.

Основой современных молекулярно-генетических исследований является получение высококачественной геномной ДНК. Однако выделение ДНК из грибов осложняется наличием прочной клеточной стенки, содержащей хитин, β-глюканы, меланин и другие полисахариды, которые могут снижать качество выделенной ДНК и ингибировать ферментативные реакции.

Ключевым этапом молекулярного анализа является получение геномной ДНК высокого качества. Однако экстракция ДНК из мицелия грибов представляет определенные трудности вследствие наличия прочной клеточной стенки, состоящей преимущественно из хитина, β-глюканов, гликопротеинов и меланина. Кроме того, остаточные белки, полисахариды и другие вторичные метаболиты могут ингибировать реакцию полимеразной цепной реакции (ПЦР), снижая воспроизводимость результатов.

Поэтому выбор эффективного метода выделения ДНК является одним из важнейших этапов подготовки образцов для молекулярно-генетических исследований. Подобные проблемы при работе с мицелием фитопатогенных грибов отмечались и для представителей рода Sclerotinia, где качество выделенной ДНК напрямую влияло на успешность последующей ПЦР-амплификации.

Для выделения геномной ДНК перспективным является использование CTAB-метода, позволяющего эффективно удалять полисахариды, белки и другие примеси. Молодой трехсуточный мицелий гриба Sclerotinia sclerotiorum, выращенный на агаризованной среде Чапека–Докса подвергают механическому разрушению в жидком азоте, после чего проводят лизис клеток в CTAB-буфере с последующей очисткой ДНК смесью хлороформ: изоамиловый спирт (24:1) после чего ДНК осаждали 0,6 объема охлажденного изопропанола с последующей инкубацией при –20 °C в течение 40 минут. Полученную ДНК промывают 70%-ным этанолом, высушивают и растворяют в ТЕ-буфере или деионизированной воде.

Полученная ДНК характеризуется высокой концентрацией и чистотой (отношение A260/A280 около 1,8–2,0), что обеспечивает возможность ее дальнейшего использования для ПЦР-анализа, секвенирования, генотипирования и филогенетических исследований.

Таким образом, оптимизация протокола выделения ДНК из Sclerotinia sclerotiorum позволяет получать качественный генетический материал, необходимый для молекулярной диагностики патогена, изучения структуры его популяций и разработки эффективных стратегий защиты сельскохозяйственных культур.

TARGETING DROUGHT-RESPONSIVE GENES USING CRISPR/CAS9 TO IMPROVE STRESS TOLERANCE IN WHEAT (*TRITICUM AESTIVUM* L.)

[1]Alijonova M.T., [1]Makhmudova M.U., [1]Norov T.M., [2]Usmonov D.E., [1]Ziyaev Z.M., [1]Turaev O.S.

[1]Research Institute of Plant Genetic Resources, National Center for Knowledge and Innovation in Agriculture;
[2]Center of Genomics and Bioinformatics, Academy of Sciences of the Republic of Uzbekistan
e-mail: mohinuralijonova9977@gmail.com

Global climate change has emerged as one of the most critical challenges affecting agricultural productivity. Increasing temperatures, irregular precipitation patterns, soil salinization, and the frequency of extreme weather events significantly reduce crop yields and threaten global food security. In arid and semi-arid regions, including Central Asia, these challenges are particularly severe, necessitating the development of crop varieties with enhanced tolerance to abiotic stresses, such as drought, salinity, and heat.

Cereal and legume crops play a fundamental role in ensuring food security and nutritional security. Cereal and legume crops have been used in various fields, particularly as food products, since their domestication by humans. Among them, *Triticum aestivum* is one of the most widely cultivated staple crops and serves as a primary source of calories and proteins for a large proportion of the global population. In Uzbekistan, bread production and livestock and poultry farming are predominantly based on winter wheat. However, wheat productivity is highly sensitive to environmental stress, which can lead to substantial yield losses.

Recent advances in molecular biology and biotechnology have opened new avenues for crop improvement through precise genome manipulation. Among these innovations, CRISPR/Cas genome-editing technology has emerged as a powerful, versatile, and highly efficient tool for targeted genetic modifications in plants.

Unlike traditional breeding approaches, which rely on naturally occurring genetic variation and often require multiple generations of selection, CRISPR/Cas enables direct and site-specific alterations within the plant genome. The precision and flexibility of CRISPR/Cas technology allow researchers to manipulate genes associated with key agronomic traits, including stress tolerance, growth, development, and crop yield. In the context of abiotic stress, CRISPR/Cas can be used to enhance the expression of beneficial genes, disrupt negative regulators, and introduce favorable allelic variants.

In recent years, numerous studies have demonstrated the successful application of CRISPR/Cas systems to enhance abiotic stress tolerance in crop plants. Central to this approach is the identification and modification of drought-responsive genes, which play critical roles in plant adaptation to water-deficient environments. These genes are involved in complex regulatory networks that control physiological, biochemical, and molecular responses to drought stress in plants. Among the most extensively studied are genes encoding Dehydration-Responsive Element Binding (DREB) transcription factors, which belong to the AP2/ERF protein family. DREB proteins bind to specific cis-acting elements in the promoters of stress-inducible genes, thereby activating the expression of downstream genes involved in osmoprotection, such as those responsible for the synthesis of proline, sugars, and late embryogenesis-abundant (LEA) proteins. Another important group includes NAC (NAM, ATAF, and CUC) transcription factors, which regulate a wide range of stress-responsive pathways. NAC genes are known to modulate processes such as stomatal closure, root system architecture, and senescence. In addition to transcription factors, ion transporters such as HKT1 (High-Affinity Potassium Transporter 1) play a crucial role in maintaining ionic and osmotic balance within plant cells. Furthermore, genes involved in the abscisic acid (ABA) signaling pathway are key regulators of drought response. ABA is a

central phytohormone that mediates plant adaptation to drought by inducing stomatal closure, thereby reducing water loss via transpiration. Genes encoding ABA receptors (PYR/PYL/RCAR), protein kinases (SnRK2), and transcription factors (AREB/ABF) are frequently targeted to enhance drought tolerance by improving stress signaling and coordination of responses.

This study aimed to analyze the potential of CRISPR/Cas-based genome editing to enhance abiotic stress tolerance in crop plants, with a particular focus on wheat. This study aimed to identify key genetic targets, evaluate current advancements, and assess the practical applicability of genome-editing technologies for developing climate-resilient and high-yielding crop varieties.

MOLECULAR GENETIC DIAGNOSIS AND OPTIMIZATION OF PCR AMPLIFICATION FOR FUNGI OF THE GENUS *FUSARIUM* IN UZBEKISTAN

Askarova Z.R., Sherimbetov A.G., Ruzmetov D.R., Ramazonov J.D., Boykobilov J.B.

Institute of Genetics and Plant Experimental Biology.
e-mail: zariiina.95@gmail.com

Accurate species verification of fungi belonging to the genus *Fusarium* is of crucial importance for the phytosanitary monitoring of cereal crops. Traditional morphological identification is frequently hindered by the phenotypic variability of closely related species, which necessitates the optimization of molecular methods. The aim of this study was to optimize PCR parameters and perform a comparative evaluation of three markers (ITS, *TUB2*, *TEF1-*α) for the identification of 10 *Fusarium* isolates obtained from soft wheat in the Bukhara and Tashkent regions. DNA extraction was performed using the GeneJET Genomic DNA Purification Kit.

Amplification efficiency largely depends on magnesium ions, which act as a cofactor for DNA polymerase. During the initial PCR of the *tef1-α* gene fragment (primers EF1-1/EF1-2), no target product was synthesized in several samples. To optimize the reaction conditions, the concentration of $MgCl_2$ was varied in the range from 0.75 to 1.8 mM. Gel electrophoresis revealed that the product was absent at 0.75 mM, weak bands appeared at 1.0 mM, bands of medium intensity were observed at 1.4 mM, and a stable synthesis of a highly intensive specific amplicon was achieved at a concentration of 1.8 mM, which was subsequently determined as optimal.

Comparative analysis demonstrated that the ITS marker amplified successfully but exhibited low resolving power for the differentiation of closely related species. The *β*-tubulin gene (*TUB2*) was inferior to the other systems in terms of luminescence intensity. The protein-coding marker *TEF1-α* demonstrated the highest specificity, reproducibility, and discriminatory power. Thus, PCR optimization confirmed the feasibility of using *TEF1-α* as the primary marker for accurate species identification of phytopathogenic fungi of the genus *Fusarium* in Uzbekistan.

APPLICATION OF GENOMIC TECHNOLOGIES AND MOLECULAR MARKERS IN THE EVALUATION OF DROUGHT TOLERANCE IN TOMATO (*SOLANUM LYCOPERSICUM* L.)

Atamirzayeva R.A., Turayev O.S., Rajametov Sh.N., Sodiqova M.O.

Research Institute of plant Genetic Resources.
e-mail: ruhangizatamirzayeva@gmail.com

Climate change has intensified the frequency and severity of drought, making water deficit one of the major constraints limiting global agricultural productivity. Tomato (*Solanum lycopersicum* L.) is among the most economically important

vegetable crops worldwide; however, its growth, fruit development, and yield are highly affected by insufficient water availability. Therefore, identifying drought-tolerant tomato genotypes has become an important objective in modern plant breeding.

Recent advances in plant genomics have significantly improved the efficiency of breeding programs. Molecular markers provide an opportunity to identify valuable genetic variation independently of environmental influences. Among these markers, Simple Sequence Repeats (SSR) remain widely used because of their high polymorphism, co-dominant inheritance, reproducibility, and broad genome coverage. SSR markers enable the assessment of genetic diversity, identification of drought-associated polymorphisms, and selection of promising parental lines for breeding.

Marker-assisted selection (MAS) has become an effective strategy for accelerating the development of stress-tolerant cultivars. Unlike conventional breeding, MAS allows breeders to select desirable genotypes at early developmental stages using molecular information, thereby reducing breeding time and improving selection accuracy. The integration of SSR marker analysis with field evaluation enhances the reliability of identifying drought-tolerant tomato germplasm.

Gene expression analysis further strengthens molecular characterization of drought tolerance. Quantitative real-time PCR (qPCR) is commonly applied to evaluate the expression of drought-responsive genes, including members of the DREB, NAC, AREB, LEA, and ASR gene families. These genes regulate osmotic adjustment, antioxidant defense, cellular protection, and stress signaling pathways, enabling plants to adapt to water-limited environments.

A comprehensive evaluation of drought tolerance should combine molecular, physiological, and phenotypic approaches. Parameters such as seed germination

under polyethylene glycol (PEG)-induced osmotic stress, root development, shoot growth, relative water content, chlorophyll concentration, and proline accumulation provide valuable information when analyzed together with molecular marker data. Such integrated analysis increases the accuracy of genotype selection and supports the identification of elite breeding materials.

In conclusion, the integration of genomic technologies, SSR markers, and gene expression analysis provides a reliable framework for improving drought tolerance in tomato. The application of these approaches can accelerate the development of climate-resilient cultivars, enhance breeding efficiency, and contribute to sustainable vegetable production under changing environmental conditions.

MOLECULAR IDENTIFICATION OF LOCAL MELON (*CUCUMIS MELO* L.) ACCESSIONS: DEVELOPMENT OF A DNA BARCODING-BASED GENETIC PASSPORT SYSTEM

Turayev O.S., Allayarova N.M.

Research Institute of plant Genetic Resources.
e-mail: nazuwka_07@icloud.com

Uzbekistan is one of the historical centres of melon cultivation and holds a rich pool of local *Cucumis melo* L. landraces valued for their taste, aroma and natural tolerance to drought and heat. At present these accessions are classified mainly by external, ampelographic traits, which are strongly influenced by soil, irrigation and climate and often lead to synonymy or misidentification, further compounded by uncontrolled open-field cross-pollination. DNA barcoding — the analysis of short, standardized genome regions such as ITS, matK, rbcL and trnH-psbA, supplemented where needed by SSR/ISSR markers — offers an

environment-independent alternative capable of generating a reliable molecular signature for each accession.

The aim is to characterize local melon accessions at the molecular level using DNA barcoding and to compile an individual genetic passport for each of them. The objectives are: to collect representative accessions from the country's main melon-growing regions; to isolate genomic DNA from the samples; to perform PCR amplification of the selected barcode loci; and to process the resulting data bioinformatically in order to build a molecular profile for each accession and enter it into a unified database.

Plant material comprises 50 local melon accessions collected from the principal melon-growing regions of Uzbekistan — Khorezm, Bukhara, Qashqadarya, Surkhandarya and Samarkand — each accompanied by a standardized passport record (origin, collection date, brief morphological description). Genomic DNA will be extracted from young leaf tissue by the CTAB method and verified spectrophotometrically and by agarose gel electrophoresis. Genetic differentiation will be assessed using the barcode loci ITS2, matK, rbcL and trnH-psbA together with supplementary SSR/ISSR markers, with PCR carried out under optimized temperature regimes. Sequencing results will be processed with BLAST, MEGA and Clustal Omega for alignment, variant detection and construction of a phylogenetic tree, and compared against GenBank entries to assess relatedness within the wider *C. melo* gene pool.

Each accession is expected to receive a unique DNA barcode sequence and marker profile, forming a unified electronic register of genetic passports that combines accession name, origin, morphological description and molecular profile. The analysis should also reveal clusters of closely and distantly related accessions and expose cases of synonymous or misclassified material, providing a practical

basis for verifying varietal purity, supporting intellectual-property protection, and guiding parental selection in breeding.

Applying DNA barcoding to the passportization of local melon accessions offers a scientifically sound way to preserve and systematize the national germplasm, with direct applications in cultivar registration, seed-quality control and protection against unauthorized use of genetic resources, while moving national melon breeding toward a genomics-based approach.

MOLECULAR FUNCTIONS OF THE RGLG GENE FAMILY AND PROSPECTS FOR FUNCTIONAL MODIFICATION THROUGH CRISPR/CAS9 TECHNOLOGY

Kimsanova N.B., Norov T.M., Turaev O.S.

Research Institute of Plant Genetic Resources, National Center for Knowledge and Innovation in Agriculture.
e-mail: nilufarxonkimsanova6@gmail.com

Abiotic stress is one of the major factors disrupting cellular physiological processes, and adaptation to these stresses is achieved through the complex molecular regulation of gene expression. This process involves the coordinated action of transcription factors, post-transcriptional regulation, and post-translational modifications to control stress signaling pathways. Among these regulatory components, RING-type E3 ubiquitin ligases, particularly the RGLG (RING Domain Ligase) family, play a crucial role as negative regulators by controlling the stability of stress-responsive proteins through the ubiquitin–proteasome system.

Members of the RGLG family contain a RING domain responsible for E3 ubiquitin ligase activity and a Copine domain involved in substrate protein binding. These proteins ubiquitinate stress-responsive transcription factors, thereby targeting them for degradation via the 26S proteasome system. As a result, the expression of stress-responsive genes is maintained under strict regulatory control.

Under normal physiological conditions, RGLG proteins prevent unnecessary activation of stress signaling pathways. In response to stress, however, their subcellular localization and expression patterns are altered, facilitating the activation of stress adaptation mechanisms.

In recent years, the development of CRISPR/Cas9 genome-editing technology has provided new opportunities for the functional characterization of the RGLG gene family. This technology enables targeted knockout of RGLG genes, precise editing of the RING and Copine domains, and the introduction of specific amino acid substitutions to alter E3 ubiquitin ligase activity. Such approaches are valuable tools for elucidating substrate specificity, subcellular localization, roles in signal transduction, and the molecular mechanisms underlying RGLG-mediated stress responses.

The primary objective of this study is to investigate the molecular functions of the RGLG gene family under abiotic stress conditions, particularly drought stress, and to elucidate the molecular genetic basis for enhancing drought tolerance in cereal crops through the targeted modification of these genes using CRISPR/Cas9 genome-editing technology. Within the scope of this research, the roles of RGLG genes in stress signaling, protein degradation via the ubiquitin–proteasome system, and the regulation of stress-responsive gene expression will be comprehensively analyzed. Furthermore, the study aims to develop novel genetic approaches for improving drought adaptation mechanisms by targeted editing of RGLG genes, thereby enhancing the physiological and biochemical stability of cereal crops and maintaining grain productivity under drought conditions.

MULTITRAIT SCREENING OF COTTON GENOTYPES FOR SALT TOLERANCE USING PCA AND MGIDI

Mirzabaev D.A., Kamburova V.S., Salakhutdinov I.B., Rajabov F.S., Shermatov Sh.E., Tojiboeva D.I., Nazarova E.F., Bazarov D.K.

Center of Genomics and Bioinformatics of the Academy of Sciences of the Republic of Uzbekistan.
e-mail:venera.k75@gmail.com

Screening salt tolerance with a single morphological trait may produce incomplete or unstable rankings. This study aimed to combine absolute trait values, multivariate structure and a multitrait selection index to identify cotton genotypes with promise for salt-tolerance breeding.

Five cotton genotypes were evaluated for germination time, germination energy, root length and shoot length at 0, 50 and 150 mM NaCl. Following analysis of variance and correlation analysis, PCA was used to determine the structure and contributions of traits. The Multitrait Genotype-Ideotype Distance Index (MGIDI) was calculated for integrated genotype ranking.

Salinity intensified differences among genotypes. Porloq-1 maintained the most favorable combination of traits, including a smaller increase in germination time and higher germination energy, root length and shoot length than the more sensitive forms. Ishonch showed the strongest compression of the morphological profile, particularly at 150 mM NaCl. Ravnaq-1 and Namangan-77 occupied intermediate positions, whereas AN-Bayaut-2 was less consistent in several conditions. PCA identified a common axis of early salt response, and MGIDI confirmed the ranking: Porloq-1 > Ravnaq-1 > Namangan-77 > AN-Bayaut-2 > Ishonch.

The agreement between PCA and MGIDI suggests that the integrated ranking reflects a stable configuration of several developmental traits rather than an isolated

advantage in one measurement. The short distance of Porloq-1 from the ideotype was associated with simultaneous preservation of multiple components of early growth, while the distance of sensitive genotypes was generated by several coordinated impairments.

Combining ANOVA, correlation analysis, PCA and MGIDI provides a justified multitrait framework for cotton salt-tolerance screening. Porloq-1 is the most promising initial material for further physiological, biochemical and molecular validation.

3. BIOTEXNOLOGIYA VA GENETIK MUXANDISLIK

TOK (*VITIS VINIFERA L.*) NAVLARINING EMBRIONLAR RIVOJLANISHIGA O‘SISHNI BOSHQARUVCHI GORMONLARNING TA’SIRI

Abdullaev S., Ubaydullaeva H., Abdullaev A., Babadjanova F., Yusupov H., Eshmurzaev J., Buriev Z.

O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genomika va bioinformatika markazi.
e-mail: sadullaabdullaevich@mail.ru

Tok (*Vitis vinifera L.*) urug‘sizlik sabablari shu kunga qadar ilmiy asoslanmagan. Ammo GA_3 (gibberellin kislotasi) meva sifatini yaxshilash uchun eng ko‘p qo‘llaniladigan o‘simlik o‘sish regulyatorlaridan biri bo‘lib, u uzum mevalarida urug‘sizlikni ham induksiya qilishi mumkin. Ushbu tadqiqotda GA_3 ning uzum rezavorlarida urug‘sizlik hosil bo‘lishiga hamda rezavorlarning morfologik xususiyatlariga ta’siri o‘rganildi.

GA_3 qo‘llanilishi natijasida Rangdor navida 300 mg/l konsentratsiyada meva uzunligi nazorat variantiga nisbatan 26 % ga, rezavor vazni esa 36 % ga sezilarli darajada oshdi. Rizamat navida esa 100 mg/l konsentratsiyadagi GA_3 ta’sirida

shingil va meva vazni mos ravishda taxminan 10 % va 7 % ga kamaydi. Eng yuqori kamayish 300 mg/l konsentratsiyada kuzatilib, shingil vazni 45 % ga, meva vazni esa 25 % ga nazoratga nisbatan pasaydi. Tadqiqot natijalari shuni ko‘rsatdiki, 300 mg/l konsentratsiyadagi GA_3 qo‘llanilishi Rangdor, shuningdek urug‘li Rizamat va Toyfi navlarida ham urug‘ rivojlanishini susaytirib, urug‘sizlikni induksiya qildi.

Bundan tashqari, 100 mg/l va 200 mg/l konsentratsiyalardagi GA_3 rudimentlarda embrion shakllanishini to‘liq to‘xtatdi hamda in vitro sharoitda embrionlarning o‘sish sur’atini sezilarli darajada kamaytirdi (11 %). Sun’iy oziqa muhitida embrionlarning unib chiqish darajasi Toyfi navida 100 mg/l va 200 mg/l GA_3 qo‘llanilganda mos ravishda 9,1 % va 6,2 % gacha kamaydi. Rizamat navida esa ushbu ko‘rsatkichlar 100 mg/l va 200 mg/l GA_3 ta’sirida mos ravishda 4,5 % va 4,1 % ni tashkil etdi.

SOVUQQA CHIDAMLI TOK (*Vitis vinifera* L.) NAVLARINI YARATISH ISTIQBOLLARI

Abdullayev A.N., Abdullaev S.A., Babadjanova F.I., Eshmurzaev J.B., Yusupov H.N., Ubaydullaeva X.A.

O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genomika va bioinformatika markazi.
e-mail: adhamnomozovich@gmail.com

Tok (*Vitis vinifera* L.) dunyo bo‘yicha eng muhim meva ekinlaridan biri hisoblanadi. So‘nggi yillarda iqlim o‘zgarishi natijasida qishki haroratning keskin pasayishi va bahorgi kech sovuqlar tokzorlarning hosildorligiga jiddiy zarar yetkazmoqda. Shu sababli sovuqqa chidamli navlarni yaratish uzumchilikda ustuvor ilmiy-amaliy yo‘nalishlardan biri bo‘lib qolmoqda. Sovuqqa chidamlilik o‘simlikning past harorat ta’sirida hujayra va to‘qimalar hayotchanligini saqlab qolish qobiliyati bilan belgilanadi. Tok navlari orasida bu xususiyat turlicha namoyon bo‘ladi. Ayrim mahalliy navlar hamda yovvoyi tok turlari qishki

sovuqlarga nisbatan yuqori chidamlilik ko‘rsatadi va seleksiya dasturlarida qimmatli donor genotiplar sifatida foydalanilishi mumkin.

Hozirgi kunda sovuqqa chidamli navlarni yaratishda an’anaviy duragaylash usullari bilan bir qatorda molekulyar va biotexnologik yondashuvlar ham keng qo‘llanilmoqda. SSR va SNP markerlari yordamida sovuqqa chidamlilik bilan bog‘liq genetik lokuslar aniqlanib, markerga asoslangan seleksiya jarayoni tezlashtirilmoqda. Bundan tashqari, meristema kulturasi, in vitro mikroko‘paytirish va stress sharoitida hujayra seleksiyasi istiqbolli genotiplarni tanlash imkonini bermoqda.

Kelgusida sovuqqa chidamli, yuqori hosildor va meva sifati yaxshi bo‘lgan tok navlarini yaratish uzumchilikning barqaror rivojlanishini ta’minlaydi. Bunday navlar qishki sovuqlar tufayli yuzaga keladigan hosil yo‘qotishlarini kamaytirish, yangi hududlarda tok yetishtirish imkoniyatlarini kengaytirish hamda eksportbop mahsulot ishlab chiqarishni oshirishga xizmat qiladi. Shuningdek, mahalliy genofondni saqlash va undan seleksiya maqsadida samarali foydalanish istiqbolli yo‘nalishlardan biri hisoblanadi.

CRISPR/Cas9 TEXNOLOGIYASI YORDAMIDA MAHALLIY TOK NAVLARIDA SOVUQQA CHIDAMLILIKNI OSHIRISH ISTIQBOLLARI

Abdullayev A.N., Yusupov H.N. Abdullaev S.A., Babadjanova F.I., Eshmurzaev J.B., Ubaydullaeva X.A.

O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genomika va bioinformatika markazi.
e-mail: adhamnomozovich@gmail.com

Tok (*Vitis vinifera* L.) respublikamiz qishloq xo‘jaligida muhim iqtisodiy ahamiyatga ega bo‘lgan ekinlardan biri hisoblanadi. Biroq iqlim o‘zgarishi natijasida kuzatilayotgan keskin harorat tebranishlari, ayniqsa qishki va erta bahorgi sovuqlar tokzorlarning hosildorligi hamda mahsulot sifatiga salbiy ta’sir

ko‘rsatmoqda. Shu sababli sovuqqa chidamli tok navlarini yaratish zamonaviy seleksiyaning ustuvor yo‘nalishlaridan biri hisoblanadi. So‘nggi yillarda genom muhandisligining innovatsion usuli bo‘lgan CRISPR/Cas9 texnologiyasi ushbu muammoni hal etishda istiqbolli vosita sifatida e’tirof etilmoqda. CRISPR/Cas9 tizimi genomning aniq qismlariga maqsadli o‘zgartirishlar kiritish imkonini beruvchi samarali gen tahrirlash texnologiyasidir. Mazkur usul yordamida sovuqqa chidamlilik bilan bog‘liq genlarning ekspressiyasini boshqarish yoki stressga sezgir genlarni modifikatsiya qilish mumkin. Natijada o‘simliklarda past harorat ta’siriga qarshi fiziologik va biokimyoviy himoya mexanizmlarining faollashishi kuzatiladi.

Tok o‘simligida sovuq stressiga javob beruvchi CBF (C-repeat Binding Factor), ICE (Inducer of CBF Expression) hamda COR (Cold-Regulated) genlari muhim ahamiyatga ega. Ushbu genlarning faoliyatini CRISPR/Cas9 texnologiyasi yordamida tartibga solish sovuq sharoitida hujayra membranalari barqarorligini saqlash, krioprotektor moddalar sintezini kuchaytirish va oksidlovchi stressni kamaytirishga xizmat qilishi mumkin. Ayniqsa, mahalliy tok navlarining yuqori hosildorlik va meva sifati kabi qimmatli xo‘jalik belgilarini saqlagan holda ularning sovuqqa chidamliligini oshirish muhim ilmiy-amaliy ahamiyatga ega. Mahalliy tok genofondiga CRISPR/Cas9 texnologiyasini qo‘llash seleksiya jarayonini sezilarli darajada tezlashtiradi. An’anaviy duragaylash usullarida yangi nav yaratish uchun ko‘p yillar talab etilsa, gen tahrirlash orqali kerakli belgilarni qisqa muddatda shakllantirish imkoniyati mavjud. Bundan tashqari, olingan genotiplarning genetik barqarorligini SSR va SNP markerlari yordamida baholash mumkin.

Xulosa qilib aytganda, CRISPR/Cas9 texnologiyasini mahalliy tok navlariga tatbiq etish sovuqqa chidamli, yuqori hosildor va stress omillariga moslashuvchan yangi navlarni yaratish uchun keng istiqbollarni ochib beradi. Ushbu yondashuv uzumchilik tarmog‘ining iqlim o‘zgarishi sharoitidagi barqaror rivojlanishini ta’minlashda muhim ilmiy asos bo‘lib xizmat qilishi mumkin.

CRISPR-CAS13 TIZIMINING O'SIMLIKLARNI VIRUSLARGA CHIDAMLILIGINI OSHIRISHDA QO'LLANILISHI

Ahmadjonova S.U. Jovliyeva.D.T., Fayziyev V.B.

Chirchiq davlat pedagogika universiteti.
e-mail: sevinchahmadjonova20@gmail.com

Qishloq xo'jaligi ekinlarining aksariyat qismini zararlaydigan viruslar RNK-genomga ega bo'lib, ular har yili dunyo bo'yicha hosildorlikning sezilarli darajada pasayishiga sabab bo'lmoqda. Ko'pchilik ekin turlarida bunday viruslarga qarshi tabiiy chidamlilik genlari yetishmasligi sababli, ularga qarshi kurashish qat'iy agrotexnik va fitosanitariya tadbirlariga bog'liq bo'lib qolmoqda. VI toifaga mansub CRISPR-Cas13 tizimi, DNK bilan ishlaydigan Cas9 fermentidan farqli o'laroq, bevosita RNK molekulasini nishonga olib, genomga o'zgarish kiritmagan holda RNK-viruslarga qarshi chidamli ekin navlarini yaratish imkonini beruvchi istiqbolli vosita sifatida e'tirof etilmoqda.

Tadqiqotning maqsadi CRISPR-Cas13 tizimining turli ekin va manzarali o'simlik turlarida virusli va viroidli kasalliklarga qarshi chidamlilik yaratishdagi qo'llanilishini so'nggi ilmiy natijalar asosida tahlil qilishdan iborat.

X. Zhan va hamkasblari (2023) kartoshka o'simligida Cas13d fermentini endogen tRNK-protsessing tizimi (PTG) bilan birlashtirib, bir vaqtning o'zida to'rtta yo'naltiruvchi RNK ishlab chiqaruvchi konstruksiya yaratdilar. Ushbu Cas13d/PTG transgen kartoshka o'simliklari kartoshka Y virusi (PVY), S virusi (PVS), X virusi (PVX) va kartoshka barglari o'ralish virusiga (PLRV) alohida-alohida hamda ular bir vaqtda ta'sir etganda ham virus miqdorining sezilarli darajada kamayishi va kasallik belgilarining namoyon bo'lmasligi orqali keng qamrovli chidamlilikni namoyon etdi.

CRISPR-Cas13a tizimini pomidor o'simligiga vaqtinchalik ekspressiya orqali, *Nicotiana benthamiana* o'simligiga esa transgen usulda kiritib, kartoshka duksimon

tugunak viroidi (PSTVd) genomining sezuvchan va antisezuvchan zanjirlarini nishonga oluvchi crRNKlarni sinovdan o'tkazdilar. Natijada pomidor o'simliklarida viroid miqdori sezilarli darajada kamayib, kasallik belgilari yengillashgani, transgen *N. benthamiana* o'simliklarida esa yovvoyi turga nisbatan viroid darajasi past bo'lgani aniqlandi — bu Cas13 tizimining nafaqat viruslarga, balki ixcham tuzilishga ega viroidlarga qarshi ham samarali ekanligini ko'rsatdi.

Shirin kartoshka o'simligida shirin kartoshka xlorotik pakana virusining (SPCSV) RNase3 oqsilini CRISPR-Cas13 yordamida nishonga olib, shirin kartoshka virusli kasalligiga qarshi chidamlilikni shakllantirdilar, bu esa Cas13 tizimining ildizmevali ekinlarda ham qo'llanilishi mumkinligini tasdiqladi.

Nicotiana benthamiana o'simligida RfxCas13d fermentining RNK-interferensiya faolligini sinab, uning o'simlik hujayralarida ham barqaror va samarali ishlashini, boshqa Cas13 variantlariga qaraganda kuchliroq RNK tushirish (knockdown) ta'sirini ko'rsatishini isbotladilar. Shuningdek, tahliliy sharhida ta'kidlanishicha, Cas13ning kollateral RNazaviy faolligi asosida ishlab chiqilgan SHERLOCK diagnostika platformasi soyada glifosatga chidamlilik geni (EPSPS) kabi genlarni tezkor aniqlash uchun qo'llanilgan, bu esa dala sharoitida o'simlik patogenlari va zararli genlarini tez aniqlash, shu orqali pestitsid va gerbitsidlardan foydalanishni kamaytirish imkonini beradi.

Xulosa qilib aytganda, CRISPR-Cas13 tizimi RNK darajasida dasturlanadigan faolligi tufayli o'simlikshunoslik va agrobiotexnologiyaning istiqbolli vositalaridan biriga aylanmoqda. Uning kartoshka, pomidor, shirin kartoshka va boshqa ekin turlarida virusli hamda viroidli kasalliklarga qarshi chidamlilik yaratishdagi, shuningdek molekulyar diagnostikadagi qo'llanilishi transgen bo'lmagan yoki minimal genetik o'zgartirilgan, ekologik jihatdan xavfsizroq ekin navlarini yaratishda katta salohiyatga ega. Kelgusi tadqiqotlar Cas13 tizimining o'simlik hujayralarida yetkazilishi va spetsifikligini oshirishga qaratilishi lozim.

MENTHA LONGIFOLIA VAR. *ASIATICA* (BORISS.) RECH.F. O‘SIMLIGIDAN AJRATILGAN MIKROORGANIZMLARNING BIOLOGIK XUSUSIYATLARI VA ISTIQBOLLI BIOTEXNOLOGIK AHAMIYATI

Aminova M.E., Fayziyev V.B.

Chirchiq davlat pedagogika universiteti.
e-mail: Marjonaaminova1606@gmail.com

Ushbu tezisda *Mentha longifolia* var. *asiatica* (Boriss.) Rech.f. o‘simligidan ajratilgan endofit mikroorganizmlarning biologik xususiyatlari hamda ularning biotexnologiyadagi istiqbolli ahamiyati yoritilgan. Endofitlarning biologik faol ikkilamchi metabolitlar sintez qilish qobiliyati, o‘simlik o‘sishi va rivojlanishiga ta’siri hamda farmatsevtika va qishloq xo‘jaligidagi qo‘llanilish istiqbollari ilmiy manbalar asosida tahlil qilindi. Tadqiqot natijalari endofitlarning yangi biologik faol moddalar manbai sifatida muhim ilmiy va amaliy ahamiyatga ega ekanligini ko‘rsatadi.

Dorivor o‘simliklar tarkibida uchraydigan endofit mikroorganizmlar biologik faol moddalar sintez qilish qobiliyati tufayli biotexnologiya, farmatsevtika va qishloq xo‘jaligida muhim ilmiy ahamiyat kasb etmoqda. Endofitlar o‘simlik to‘qimalarida kasallik alomatlarini yuzaga keltirmasdan yashovchi bakteriyalar va zamburug‘lar bo‘lib, ular o‘simlik bilan simbioz munosabat hosil qiladi hamda uning o‘sishi, rivojlanishi va stress omillariga chidamliligini oshirishga xizmat qiladi.

Mentha longifolia var. *asiatica* (Boriss.) Rech.f. dorivor va efir moyli o‘simliklardan biri bo‘lib, tarkibida mentol, flavonoidlar, fenolik birikmalar va boshqa biologik faol moddalar mavjud. So‘nggi yillarda ushbu o‘simlik tarkibidagi endofitlarning biologik xususiyatlari hamda ularning ikkilamchi metabolitlar sintezidagi roli bo‘yicha tadqiqotlar kengaymoqda. Shu sababli Mentha asiatica

endofitlarini o‘rganish yangi biologik faol moddalarni aniqlash va ulardan biotexnologiyada foydalanish nuqtai nazaridan dolzarb hisoblanadi. Endofit mikroorganizmlar mezbon o‘simlikka zarar yetkazmagan holda uning ichki to‘qimalarida yashaydi va o‘simlikning fiziologik jarayonlarida faol ishtirok etadi. Ular fitogormonlar ishlab chiqarish, mineral moddalar o‘zlashtirilishini yaxshilash hamda fitopatogen mikroorganizmlarga qarshi biologik himoyani kuchaytirish orqali o‘simlikning o‘sishi va rivojlanishini rag‘batlantiradi.

Mentha asiatica va unga yaqin yalpiz turlaridan ajratilgan endofitlar orasida *Bacillus, Pseudomonas, Penicillium, Aspergillus, Trichoderma* va *Fusarium* avlodlariga mansub mikroorganizmlar uchrashi qayd etilgan. Ushbu endofitlar flavonoidlar, alkaloidlar, terpenoidlar, fenolik birikmalar va boshqa biologik faol ikkilamchi metabolitlarni sintez qilish qobiliyatiga ega.

Endofitlar tomonidan hosil qilinadigan metabolitlar antimikrob va antioksidant faolligi bilan ajralib turadi. Tadqiqotlarda ayrim endofitlar *Staphylococcus aureus, Escherichia coli* va *Candida albicans* kabi patogen mikroorganizmlarga nisbatan ingibitsion ta'sir ko‘rsatishi aniqlangan. Bundan tashqari, ular erkin radikallarni zararsizlantirish xususiyatiga ega bo‘lib, hujayralarni oksidlovchi stressdan himoya qilishda muhim ahamiyat kasb etadi. Endofitlarning yana bir muhim xususiyati biologik faol ikkilamchi metabolitlarni sun'iy oziqa muhitida ham sintez qila olishidir. Bu esa dorivor o‘simliklarni ko‘p miqdorda yig‘ib ishlatmasdan turib, qimmatli tabiiy moddalarni biotexnologik usulda olish imkonini beradi. Mazkur yondashuv biologik resurslarni muhofaza qilish bilan birga farmatsevtika sanoati uchun ekologik barqaror xomashyo manbaini yaratadi. Endofit mikroorganizmlar zamonaviy biotexnologiyaning istiqbolli obyektlaridan biri hisoblanadi. Ular tomonidan sintez qilinadigan biologik faol metabolitlar farmatsevtika sanoatida yangi antibiotiklar, antioksidantlar va yallig‘lanishga qarshi preparatlar yaratishda muhim manba bo‘lib xizmat qiladi.

Shu bilan birga, endofitlardan fermentlar, organik kislotalar va boshqa qimmatli biomahsulotlarni olish imkoniyati ham mavjud.

Qishloq xo‘jaligida endofitlardan bioo‘g‘it va biologik himoya vositasi sifatida foydalanish istiqbollari ortib bormoqda. Ular fitogormonlar ishlab chiqarish, mineral elementlarning o‘zlashtirilishini yaxshilash hamda fitopatogen mikroorganizmlarning rivojlanishini cheklash orqali o‘simliklarning hosildorligini oshiradi. Natijada kimyoviy pestitsidlardan foydalanish kamayadi va ekologik xavfsiz agrotexnologiyalarni rivojlantirish imkoniyati yaratiladi.

Molekulyar biologiya va genomika sohasidagi zamonaviy tadqiqotlar Mentha asiatica endofitlarining genetik xilma-xilligini hamda biologik faol metabolitlar biosinteziga mas'ul genlarni aniqlash imkonini bermoqda. Bu esa yangi biologik faol moddalarni izlab topish va ulardan tibbiyot hamda sanoatda foydalanish istiqbollarini kengaytiradi.

Shuningdek, endofit mikroorganizmlar o‘simliklarning qurg‘oqchilik, sho‘rlanish va boshqa abiotik stress omillariga chidamliligini oshirishda ham muhim rol o‘ynaydi. Ularning ushbu xususiyatlari iqlim o‘zgarishi sharoitida qishloq xo‘jaligi ekinlarini barqaror yetishtirishda muhim ahamiyat kasb etadi.

Mentha longifolia var. *asiatica* (Boriss.) Rech.f. o‘simligidan ajratilgan endofit mikroorganizmlar biologik faol ikkilamchi metabolitlar sintez qilishi, antimikrob va antioksidant xususiyatlarga egaligi hamda o‘simlik o‘sishini rag‘batlantirishi bilan ajralib turadi. Ularning farmatsevtika, qishloq xo‘jaligi va sanoat biotexnologiyasida qo‘llanilish istiqbollari keng bo‘lib, yangi biologik preparatlar yaratishda muhim ilmiy manba hisoblanadi. Kelgusida ushbu endofitlarning biologik xilma-xilligi va metabolitlarini chuqur o‘rganish ularning amaliy qo‘llanilish imkoniyatlarini yanada kengaytiradi.

MALUS O‘SIMLIKLARIDAN AJRATILGAN BAKTERIAL ANTAGONISTLARNING *CYTOSPORA MALI* RIVOJLANISHINI BOSTIRISH SAMARADORLIGI

Bazarbaeva S.B., Bozorov T.A., Aytenov I.S.

O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genetika va o’simliklar eksperimental biologiyasi instituti.
e-mail: sapargulbaxtiyarovna18@gmail.com

Ushbu tezisda *Malus* turiga mansub o‘simliklardan ajratilgan antagonist bakteriyalarning *Cytospora canker* qo‘zg‘atuvchisiga qarshi biologik faolligi yoritilgan. *Cytospora mali* olma daraxtlarida po‘stloq nekrozi, novdalarning qurishi va hosildorlikning kamayishiga sabab bo‘luvchi xavfli fitopatogen zamburug‘ hisoblanadi. Kasallikka qarshi kimyoviy preparatlar samaradorligi cheklanganligi sababli biologik kurash usullariga qiziqish ortib bormoqda.

Hozirgi kunda qishloq xo‘jaligida mevali daraxtlarning kasalliklarga chidamliligini oshirish va hosildorligini saqlab qolish muhim masalalardan biri hisoblanadi. Ayniqsa, *Malus* turiga mansub olma daraxtlari dunyo bo‘yicha keng tarqalgan mevali ekinlardan biri bo‘lib, turli fitopatogen mikroorganizmlar ta’sirida katta iqtisodiy zarar ko‘radi. Shunday kasalliklardan biri *Cytospora canker* bo‘lib, u daraxt po‘stlog‘ining nekrozlanishi, novdalarning qurishi hamda daraxtning asta-sekin nobud bo‘lishiga sabab bo‘ladi. Kasallikka qarshi kurashishda asosan kimyoviy fungitsidlardan foydalaniladi. Biroq ularning uzoq muddat qo‘llanilishi ekologik muammolar, patogenlarning rezistentligi va foydali mikroorganizmlarning kamayishiga olib keladi. Shu sababli biologik kurash usullarini ishlab chiqish zamonaviy fitopatologiyaning dolzarb yo‘nalishlaridan biri hisoblanadi.

Ko’pchilik tadqiqotlarda biologik nazorat sifatida *Bacillus subtilis, Pseudomonas fluorescens, Streptomyces spp.* kabi bakteriyalarning *Cytospora mali* fitopatogeniga qarshi samarali antagonistik ta’sir ko‘rsatgani haqida keltirilgan. Bozorov T.A. va boshqalar tomonidan olib borilgan tadqiqotda yovvoyi olma (*Malus sieversii*) mikrobiotasidan ajratilgan bakteriyalarning *Cytospora mali* va *C. parasitica* zamburug’lariga qarshi antagonistik faolligi o‘rganilgan. Tadqiqot natijalariga ko‘ra, *Bacillus amyloliquefaciens, B. atrophaeus, B. methylotrophicus, B. mojavensis* va *Pseudomonas synxantha* turlari patogen zamburug’larning o‘sishini sezilarli darajada bostirgan. Minimal ingibitor konsentratsiya (MIC) 10 mg/mL bo‘lib, bu miqdorda zamburug’larning o‘sishi to‘liq to‘xtatilgan.

Mazkur ishning maqsadi *Malus* oilasiga mansub o‘simliklardan ajratilgan antagonist bakteriyalarni o‘rganish va ularning *Cytospora mali* ga qarshi biologik faolligini baholashdan iborat. Tadqiqot davomida *Malus* turiga mansub o‘simliklarning bargi, po‘stlog‘i va rizosfera qismidan 100 ga yaqin antagonist bakteriyalar ajratib olindi. Ajratilgan bakteriyalar morfologik va fiziologik xususiyatlariga ko‘ra tahlil qilinib, ularning fitopatogen zamburug‘larga qarshi antagonistik faolligi o‘rganildi. Tadqiqotlarda *Bacillus velezensis*, *Bacillus halotolerans, Pseudomonas fungipugnans* hamda *Bacillus mycoides* shtammlari aniqlanib, ular orasida *Bacillus* avlodiga mansub bakteriyalar yo’qori biologik faollik ko‘rsatdi. Antagonistik faollik dual culture usuli yordamida baholandi. Natijada antagonist bakteriyalar *Cytospora mali* mitseliyining o‘sishini sezilarli darajada to‘xtatgani kuzatildi. Bu holat bakteriyalar tomonidan antifungal metabolitlar, fermentlar va antibiotik moddalarning ishlab chiqarilishi bilan izohlanadi. Ayniqsa, *Bacillus* avlodiga mansub bakteriyalar sporalar hosil qilishi sababli tashqi muhit omillariga chidamli bo‘lib, biologik preparat yaratishda istiqbolli hisoblanadi.

Tadqiqot natijalariga ko‘ra, *Malus* turiga mansub o‘simliklardan ajratilgan antagonist bakteriyalar *Cytospora canker* qo‘zg‘atuvchisiga qarshi yo’qori biologik faollik namoyon qildi. Ayniqsa, *Bacillus* va *Pseudomonas* avlodiga mansub bakteriyalar aniq ingibitsiya zonasi hosil qilib yo’qori biologik faollik ko‘rsatdi. Ushbu mikroorganizmlar ekologik xavfsizligi va samaradorligi sababli kimyoviy fungitsidlarga alternativ biologik vosita sifatida muhim ahamiyat kasb etadi.

QULUPNAY (*FRAGARIA* × *ANANASSA*) DURAGAYLARIDA *IN VITRO* KO‘PAYTIRISH VA KALLUSOGENEZ

[1,3]Doshmuratova A.A., [1,3]Hasanova Sh.A., [1]Ernazarova D.K., [1,2]Kushanov F.N.

[1]O‘zbekiston Respublikasi Fanlar akademiyasi, Genetika va o‘simliklar eksperimental biologiyasi instituti;
[2]Mirzo Ulug‘bek nomidagi O‘zbekiston Milliy universiteti;
[3]O‘simliklar genetik resurslari ilmiy tadqiqot instituti.
doshmuratovaaysuliw3@gmail.com

Qulupnay seleksiyasida yangi genotiplarni yaratish va ularni viruslardan xoli tarzda ko‘paytirishda zamonaviy biotexnologik usullar, xususan, *in vitro* usuli muhim o‘rin tutadi. Tadqiqotning ushbu bosqichida qulupnay urug‘laridan sun’iy oziq muhitlarida foydalanish, o‘simlikning genetik salohiyatini saqlab qolgan holda qisqa muddatlarda ko‘p miqdorda sog‘lom ko‘chat materialini olish imkonini beradi. Urug‘dan *in vitro* usulida ko‘paytirish, ayniqsa, duragaylash natijasida olingan noyob kombinatsiyalarni jadal ko‘paytirish va ularning morfobiologik xususiyatlarini laboratoriya sharoitida nazorat ostida o‘rganishda yuqori samaradorlikka ega.

Tadqiqot ob’yekti sifatida O‘zbekiston sharoitida yetishtirilayotgan qulupnay (*Fragaria* × *ananassa*) navlari o‘zora chatishtirish natijasida olingan duragaylar (Sindrella × Albion, Sindrella × Kingsberry, Murano × Favoriy) olindi. *In vitro*

uchun navlarning urugidan foydalanildi. Tadqiqot O‘zR FA Genetika va O‘EBI O’simliklar genom tadqiqotlari laboratoriyasida olib borildi.

Eksplantlar standart sterilizatsiya usuli bilan ishlanib, Murashige va Skoog (MS) oziqa muhitida o‘stirildi.

Ikki bosqichda amalga oshirilgan tadqiqot jarayoni urug‘larni *in vitro* undirish hamda olingan materiallardan kallus to‘qimasini induksiya qilishni o‘z ichiga oladi. Urug‘lar birlamchi material olish uchun mineral tuzlar va vitaminlar bilan boyitilgan MS ozuqa muhitiga steril sharoitda ekildi. Optimal sharoitda urug‘larning unib chiqish darajalari muntazam qayd etildi. Kallus to‘qimasini hosil qilish (Dedifferensiatsiya) jarayoni uchun tajribaning 40-kuniga kelib, urug‘dan chiqqan yosh nihollar steril sharoitda qayta ishlandi. Bunda o‘simlik qismlari (barglari va ildizlari) ma’lum o‘lchamda qirqilib, kallus hosil bo‘lishini stimullovchi maxsus gormonal ozuqa muhitiga qayta ekildi. Bu bosqichta yuqoridagi korsatilgan ozuqa muhit tarkibiga gormonlar qoshildi. Kallusogenez jarayonini faollashtirish uchun muhitga 1 mg/L BAP (sitokinin) va 0,1 mg IBA (auksin) qo‘shildi.

Qulupnay regeneratsiyasini o‘rganishda urug‘dan olingan eksplantlar yordamida kallus to‘qimasi shakllantirildi. Ushbu to‘qimadan somatik embrionlar va virusdan xoli o‘simliklar regeneratsiyasi qulupnay seleksiyasining hujayra darajasidagi tadqiqotlarida asosiy bo‘g‘in hisoblanadi.

Past unuvchanlik va yetishtirish uchun uzoq muddat (50-60 kun) talab etilishi qulupnayni an’anaviy usulda urug‘dan ko‘paytirishning asosiy kamchiliklari hisoblanadi. Ayniqsa, qimmatbaho va noyob navlarning urug‘lari dala sharoitida tutib ketish ehtimoli pastligi sababli, *in vitro* texnologiyasidan foydalanish eng istiqbolli usullardan biri hisoblanadi. *In vitro* da ozuqa muhiti va gormonlar balansi ta’sirida urug‘ unuvchanligi Sindrella × Albionda 70%, Sindrella × Kingsberryda 60%, Murano × Favoriyda 45% ni tashkil etdi. Yuqori natija ko‘rsatgan dastlabki

ikki duragayni keyingi biotexnologik tadqiqotlar uchun istiqbolli material sifatida tavsiya etiladi. Ushbu usul qimmatbaho genetik material nobud bo‘lishining oldini olib, qisqa muddatda sog‘lom kallus olish va sog‘lom regenerantlar ko‘chatlarni ommaviy ko‘paytirish imkonini beradi.

G‘O‘ZA FUZARIOZ VILT KASALLIGIGA CHIDAMLILIKNI OSHIRUVCHI GENETIK KONSTRUKSIYALARNI MODEL O‘SIMLIKDA SINOVDAN O‘TKAZISH

[1]Ergasheva S.I., [1]Toshmuxammedova Sh.S., [2]Usmanov D.E.,
[1,2]Abdukarimov Sh.S., [2]Xusanbayeva SH.R., [2]Nuriddinova M.T.,
[2]Murodullayeva N.O.

[1]Mirzo Ulug‘bek nomidagi O‘zbekiston Milliy Universiteti;
[2]O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genomika va bioinformatika markazi.
e-mail: sevaraergasheva347@gmail.com

G‘o‘za (*Gossypium hirsutum* L.) dunyo bo‘yicha eng ko‘p yetishtiriladigan texnik ekinlardan biri bo‘lib, to‘qimachilik sanoati uchun qimmatli xomashyo manbai hisoblanadi. Yer yuzida iqlim o‘zgarishi natijasida g‘o‘zaga turli abiotik va biotik omillar ta’sir qiladi. G‘o‘za yetishtirishda uchraydigan muammolardan biri fitopatogenlar salbiy ta’siri hisoblanadi. Fitopatogenlar orasida keng tarqalgani *Fusarium oxysporum f. sp. vasinfectum* zamburug‘i qo‘zg‘atadigan fuzarioz vilt kasalligidir.

Keyingi yillarda patogenni yangi turlari paydo bo‘lishi natijasida fuzarioz vilt kasalligi keng tarqalib, g‘o‘za yetishtirishda jiddiy muammolarni keltirib chiqarmoqda. U asosan o‘simlikning ildiz tizimi orqali kirib, o‘tkazuvchi to‘qimalarni zararlaydi hamda suv va oziqa moddalari harakatining buzilishiga olib keladi. Natijada o‘simlikda so‘lish, barglarning sarg‘ayishi va hosildorlikning kamayishi kuzatiladi. *Fusarium oxysporum f. sp. vasinfectum* genomining

o‘rganilishi natijasida kasallik keltirib chiqaruvchi ko‘plab genlari aniqlandi va bu genlar kasallik rivojlanishida muhim ahamiyatga ega ekanligi ta’kidlangan.

Kasalliklarga qarshi chidamli genlarni aniqlash va ularni zamonaviy o‘simlik biotexnologiyasida qo‘llash istiqbolli yo‘nalishlardan biri hisoblanadi. Genetik muhandislik va genom tahrirlash texnologiyalarining zamonaviy usullari fitopatogenlarga turg‘un o‘simliklar yaratishda muhim ahamiyat kasb etmoqda.

Yangi genetik konstruksiyalarni sinovdan o‘tkazishda *Nicotiana benthamiana* model o‘simligidan keng foydalaniladi. Ushbu o‘simlik biotexnologiyada keng qo‘llaniladigan model o‘simliklardan biri hisoblanadi. Bu o‘simlik tez o‘sishi, *Agrobacterium* orqali faol transformatsiya qilinishi hamda kiritilgan yot genlarning muvaqqat ifodalanishini oson tahlil qilinishi tufayli ajralib turadi. Bundan tashqari, u gen funksiyalarini o‘rganish, oqsillarni o‘zaro ta’sirlarini tahlil qilish va kasalliklarga bardoshlilik jarayonlarini baholashda muhim model tizim sifatida foydalaniladi. Shuning uchun *Nicotiana benthamiana* genetik muhandislik tadqiqotlarida keng miqyosda foydalaniladigan muhim tizimlardan biri hisoblanadi.

Hozirgi kunda genomika va bioinformatika markazida *Fusarium oxysporum f. sp. Vasinfectumga* qarshi chidamlilikni oshiruvchi genetik konstruksiya Nicotiana benthamiana o‘simligida transformatsiya ishlari olib borilmoqda.

STREPTOMYCES TURKUMIGA MANSUB AKTINOMITSETLARNING LINDAN BIODESTRUKSIYASI

[1]Ibragimov A.A., [1]Axmedova Z.R., [1]Kadirova G.X.

[1]O‘zbekiston Respublikasi Fanlar akademiyasi Mikrobiologiya instituti.
e-mail: microbio@academy.uz

Lindan (γ-geksaxlorsiklogeksan, γ-GXSG) uzoq vaqt qishloq xo‘jaligida qo‘llanilgan xlororganik pestitsidlardan biri bo‘lib, o‘zining yuqori kimyoviy barqarorligi, tuproqda va suv havzalarida uzoq muddat saqlanib qolish xususiyati,

shuningdek, bioakkumulyatsiyaga moyilligi tufayli ekologik jihatdan xavfli birikma hisoblanadi. Stokgolm konvensiyasi doirasida qat’iy organik ifloslantiruvchi moddalar qatoriga kiritilib ishlatish qattiyan taqiqlangan bo‘lishiga qaramay, ko‘pgina mintaqalarda, jumladan O‘zbekistonning qishloq xo‘jaligi rivojlangan hududlarida, lindan bilan ifloslangan tuproq va suv manbalari hozirgacha muhim ekologik muammo bo‘lib qolmoqda. Ushbu birikmani zararsizlantirishning eng istiqbolli va tabiatga zid bo‘lmagan usullaridan biri mikrobiologik biodestruksiya, ya’ni mikroorganizmlar yordamida uni parchalash hisoblanadi.

Aktinomitsetlar, xususan *Streptomyces* turkumiga mansub shtammlar, tuproq mikrobiotasining faol a’zolari bo‘lib, kuchli fermentativ tizimga ega. Ular ksenobiotiklarni, jumladan xlororganik birikmalarni, oksidlanish, degalogenlash va halqani ochish reaksiyalari orqali parchalash qobiliyatiga ega. Shu sababli *Streptomyces* vakillarining lindan biodestruksiyasidagi rolini o‘rganish nazariy va amaliy ahamiyatga ega.

Tadqiqot uchun tuproq namunalari Sirdaryo viloyatida joylashgan sobiq aerodrom hududidan (40°23′55.5″N, 68°31′35.9″E) olindi. Tuproq namunalaridan lindanni biodegradatsiya qilish qobiliyatiga ega mikroorganizmlarni ajratib olish maqsadida mineral tuzli muhit (MSM) qo‘llanildi.

Uglerodning yagona manbai sifatida tarkibida 14 % lindan saqlovchi tijorat preparati ishlatildi. Dastlab, tarkibida lindan hisobida 100 mg/L saqlagan MSM suyuq ozuqa muhitiga tuproq namunasi inokulyatsiya qilindi. Kulturalar 30 °C haroratda, 160 ayl/min (rpm) tezlikda chayqatgichda 4 sutka davomida inkubatsiya qilindi.

Keyingi bosqichda olingan kulturadan inokulum olinib, lindan konsentratsiyasi bosqichma-bosqich oshirib borilgan MSM muhitlariga ko‘chirildi.

Mikroorganizmlar ketma-ket ravishda 200, 300, 400 va 500 mg/L lindan saqlovchi muhitlarda o‘stirildi. Saralash jarayoni yakunlangach, sof kulturalarni ajratib olish ishlari 500 mg/L lindan saqlovchi MSM agar ozuqa muhitida amalga oshirildi. Natijada yuqori konsentratsiyadagi lindan sharoitida o‘sishga qodir bo‘lgan aktinomitset shtammlari ajratib olindi.

Ajratilgan sof kulturalar morfologik va kulturaviy belgilari, jumladan koloniya morfologiyasi, havo va substrat miseliylarining rangi hamda sporalarining tuzilishiga ko‘ra Streptomyces turkumiga mansubligi aniqlandi.

Aktinomitsetlarni tur darajasida identifikatsiya qilish maqsadida 16S rRNK geni sekvenslash usuli qo‘llanildi. Olingan nukleotid ketma-ketliklari tahlili natijasida shtammlar *Streptomyces violaceorubidus* va *Streptomyces rochei* turlariga mansubligi aniqlandi.

Mazkur shtammlarning 16S rRNK geni ketma-ketliklari NCBI GenBank ma’lumotlar bazasiga *Streptomyces violaceorubidus* N3 (OQ848464) va *Streptomyces rochei* N4 (OQ918226) nomlari bilan ro‘yxatdan o‘tkazildi.

O‘tkazilgan tadqiqotlar natijasida *Streptomyces* turkumiga mansub aktinomitsetlarning lindanni biodegradatsiya qilish qobiliyatiga ega ekanligi aniqlandi. Olingan natijalar ushbu shtammlarning xlororganik pestitsidlar bilan ifloslangan tuproqlarni bioremediatsiya qilishda istiqbolli biologik agentlar sifatida qo‘llanilishi mumkinligini ko‘rsatadi. Kelgusidagi tadqiqotlar ajratib olingan shtammlarning lindan biodegradatsiyasi mexanizmlarini, genom xususiyatlarini hamda laboratoriya va dala sharoitidagi bioremediatsion samaradorligini chuqur o‘rganishga qaratiladi.

ARPA (HORDEUM VULGARE) NING YETILGAN VA YETILMAGAN EMBRIONLARINI IN VITRO SHAROITIDA KALLUS INDUKSIYASINI QIYOSIY BAHOLASH

[1]Ibrohimova N.M. [2]Ernazarova D.Q. [1]Turayev O.S.

[1]O‘simliklar genetik resurslari ilmiy tadqiqot instituti;
[2]O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genetika va o’simliklar eksperimental biologiyasi instituti
e-mail. ibrohimovanigora0526@gmail.com

Arpa (*Hordeum vulgare* L.) jahon qishloq xo‘jaligida strategik ahamiyatga ega bo‘lgan don ekinlaridan biri bo‘lib, hozirgi kunda biotexnologiya va zamonaviy gen muhandisligi yordamida uning stressga chidamli yangi liniyalarini yaratish dolzarb hisoblanadi. Biotexnologik jarayonlarning samaradorligi esa ko'p jihatdan *in vitro* sharoitida regeneratsiya qobiliyati yuqori bo‘lgan murtak o‘suvchi hujayralar — embriogen kallus olish tizimining to‘g‘ri optimallashtirilishiga bog‘liq. Arpa to'qimalari kulturasida an’anaviy ravishda sut-gulli pishish davridagi yetilmagan embrionlar (*immature embryos*) qo‘llaniladi. Ular yuqori embriogen faollikka ega bo‘lsa-da, ularni olish donor o‘simliklarning o‘sish fazasiga va mavsumga juda bog‘liq. Buning muqobili bo‘lgan quruq dondan olinadigan yetilgan embrionlar (*mature embryos*) yil davomida tayyor material manbasi bo‘lib xizmat qiladi, ammo ulardan yuqori sifatli kallus olish gormonal muhitga juda talabchan. Shuningdek, arpa to'qimalarida kallus induksiyasini yaxshilashda an’anaviy 2,4-D gormoniga qaraganda kuchli auxin hisoblangan Dikamba (*Dicamba*) gormonidan foydalanish kamroq fenol ajralishi va yuqori embriogenlik ko‘rsatkichini ta’minlashi bilan ahamiyatlidir.

Tadqiqotning maqsadi — 6 ta mahalliy arpa navi misolida yetilgan va yetilmagan embrionlarning in vitro sharoitida kallus hosil qilish foizi, sifati va morfologik xususiyatlarini qiyosiy baholashdan iborat.

Tadqiqot obekti sifatida O‘zbekiston seleksiyasiga mansub 6 ta mahalliy arpa navlarining yetilgan (quruq dondan) va yetilmagan (gullashdan 12–15 kun o‘tgach ajratilgan) embrionlaridan foydalanildi. Eksplantlarni sterilizatsiya qilishda yetilmagan donlar uchun 70% li etil spirti (1 daqiqa) va 2.0% li natriy gipoxlorit (NaClO, 10 daqiqa) ishlatildi. Yetilgan quruq donlar esa dastlab 2 soat davomida suvda bo‘ktirtirildi, so‘ngra 70% li etil spirti (2 daqiqa) va 2.5% li natriy gipoxlorit eritmasida (15-20 daqiqa) sterilizatsiya qilindi.

Har ikki turdagi embrionlar steril laminar boks sharoitida murtak qalqonchasi (scutellum) yuqoriga qaratilgan holda MS (Murashige va Skoog) ozuqa muhitiga ekildi. Kallus hosil bo‘lishini induksiyalash uchun ozuqa muhitiga yagona optimal konsentratsiyada — 3.0 mg/l Dikamba (Dicamba) o‘stiruvchi gormoni qo‘shildi. Eksplantlar 25±1°C haroratda, mutloq qorong‘ida 4 hafta davomida inkubatsiya qilindi. Har 7 kunda eksplantlarning rivojlanish dinamikasi vizual kuzatildi. O‘tkazilgan qiyosiy tadqiqotlar natijasida yetilgan va yetilmagan embrionlarning in vitro sharoitida kallus hosil qilish jarayoni ham vaqt dinamikasi, ham sifat ko‘rsatkichlari bo‘yicha sezilarli darajada farq qilishi aniqlandi

Kuzatishlar shuni ko‘rsatdiki, yetilmagan embrionlarda kallusogenez jarayoni tezroq boshlandi (3-4 kun). Ulardan olingan kalluslar asosan zich, granulalangan va och sarg‘ish rangga ega bo‘lib, bu ularning yuqori embriogen (kelajakda o‘simlik bera oladigan) salohiyatga ega ekanligidan dalolat beradi. Eng muhimi, yetilmagan embrionlar ekilgan muhitda fenolli birikmalar ajralishi (muhitning qo‘ng‘irlashishi) deyarli kuzatilmadi. Yetilgan embrionlarda esa dastlabki shishish va kallus hosil bo‘lishi nisbatan kechroq (5-7 kunda) qayd etildi. Ulardan olingan kalluslarning bir qismi suvsimon va bo‘shashgan bo‘lib, ularda fenol birikmalarining ajralishi natijasida to‘qimalarning qo‘ng‘irlashishi kuzatildi. Shunga qaramasdan, yetilgan embrionlarning in vitro faolligi 50%dan yuqori ko‘rsatkichga ega bo‘ldi, bu esa ulardan barqaror kallus olish imkoniyati

mavjudligini ko‘rsatdi. Mahalliy navlar kesimida olingan natijalar navlarning genotipik xususiyatlari kallusogenez tezligiga sezilarli ta’sir ko'rsatishini tasdiqladi.

Qiyosiy tahlillarga ko‘ra, arpaning eng yuqori embriogen kallusogenez yetilmagan embrionlarda (80%) kuzatilishini ko‘rsatdi. Shunga qaramay, yetilgan embrionlar ham 3.0 mg/l Dikamba muhitida samarali faollik namoyon etib (50%dan yuqori), ulardan yil davomida mavsumiy cheklovlarsiz muqobil eksplant sifatida foydalanish imkoniyatini tasdiqladi.

KRIPTOXROM GENLAR OILASI VAKILLARI *CRY1* VA *CRY2* LARNING G‘O‘ZA (*G.HIRSUTUM*) DAGI FUNKSIYASINI O‘RGANISH UCHUN RNKi KONSTRUKSIYALARINI TUZISH

Juraqulov D.S., Usmanov D.E., Buriyev Z.T.
O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genomika va bioinformatika markazi.
e-mail: juraqulovdurbek@gmail.com

Kriptoxrom (*CRY*) genlari DNK fotoliazalarga o‘xshash lekin ulardan farqli funksiyalarni bajaradigan ko‘k nurga javob beruvchi fotoretseptorlar hisoblanib, hozirgi kunda bu genlar mikroorganizmlardan tortib hayvon va o‘simliklarning deyarli barcha turlarida aniqlangan. Kriptoxromlar birinchi marta ko‘k nur signaliga qarshi ta’sir ko‘rsatmagan model o‘simlik *Arabidopsis thaliana* mutant o‘simligida topilgan. Keyingi olib borilgan tadqiqotlar bu gening DNK fotoliazalarga o‘xshash ekanligini ko‘rsatdi. Buning natijasida kriptoxrom genlari o‘simliklarda ildiz o‘sishi, gullash vaqti, barg og‘izchalarning harakati, sirkadiyalik soat, urug‘larning unib chiqishi hamda himoya mexanizimini boshqarilishida ham o‘z tasirini o‘tkaza olishi aytib o‘tilgan. Bundan tashqari yig‘ilgan ilmiy malumotlardan bu o‘simliklarda pishishga javobgar bo‘lgan etilen sintezini boshqarilishiga sezilarli darajada tasir o‘tkaza olishi aniqlangan. Bu genlarning o‘simliklarda funksiyasining kamayishi etilen sintezini oshirganligi va buning natijasida o‘simliklarda erta pishish kuzatilgan. Kriptoxrom oilasining vakillari

CRY1 va *CRY2* o‘simliklarning bir urug‘ pallali va ikki urug‘ pallalilarning ko‘pchilik turlarida o‘rganilgan bo‘lib, tabiiy tola beruvchi asosiy texnik ekin xisoblangan g‘o‘za o‘simligidagi funksiyasi aniqlanmagan.

Yuqorida keltirilgan ma’lumotlarga asoslangan holda biz kriptoxrom genlar oilasining vakillari *CRY1* va *CRY2* larning funksiyasini g‘o‘zaning *G.hirsutum* turida o‘rganishga qaror qildik. Bu genlar *A.thaliana* da yaxshi o‘rganilganligi bois http://arabidopsis.org/ genlar bazasidan *CRY1* va *CRY2* genlarining nukleotidlar ketma-ketligini topdik va ularni *National Center for Biotechnology Information (NCBI)* genlar bazasining *NCBI_Blast* funksiyasidan foydalanib *G.hirsutum* genomiga solishtirdik. Aniqlangan *G.hirsutum CRY1* va *CRY2* genlariga *Sequencher 5.2.4* hamda *Primer3Plus* bioinformatik dasturlar yordamida RNKi praymerlar tuzildi. Tuzilgan praymerlarning sifati https://www.idtdna.com/calc/analyzer online dasturi yordamida tekshirildi. Tuzilgan praymerlar yordamida G.*hirsutum* DNK genomidan *CRY1* va *CRY2* genlari amplifikatsiya qilib olindi. Hozirda amplifikatsiya qilib olingan PCR fragmentlarni nukliotid ketma-ketliklarini sekvenslash ishlari olib borilmoqda.

MECHANISMS OF IMPROVING PLANT SALT TOLERANCE BY MICROBIAL BIOSTIMULATORS: A LITERATURE REVIEW

Kamburova V.S., Salakhutdinov I.B., Mirzabaev D.A., Rajabov F.S., Shermatov Sh.E., Tojiboeva D.I., Nazarova E.F., Bazarov D.K.

Center of Genomics and Bioinformatics of the Academy of Sciences of the Republic of Uzbekistan.
e-mail: venera.k75@gmail.com

Microbial biostimulators are increasingly considered a promising tool for improving crop performance under salinity. Their action, however, involves multiple interconnected processes and cannot be reduced to direct growth

promotion. This review summarizes the mechanisms through which beneficial microorganisms modify plant responses to salt stress.

An analytical review was conducted of studies on rhizospheric and endophytic bacteria, mycorrhizal fungi and other beneficial microorganisms in saline environments. The synthesis focused on mineral nutrition and water status, root architecture, phytohormone balance, antioxidant defense, osmoprotection, stress-associated gene expression and plant–microbiome interactions.

The literature indicates that microbial stimulators improve plant performance through several linked pathways. Root colonization may enhance water and nutrient acquisition, remodel root architecture and support ion homeostasis. Microorganisms can regulate auxin, abscisic acid, jasmonic acid and salicylic acid, thereby activating adaptive growth reprogramming. Increased antioxidant activity limits reactive oxygen species damage, whereas osmolyte accumulation supports turgor and cellular structure. An additional response layer involves changes in stress-related gene expression and interactions within the rhizosphere microbial community.

Current evidence shows that biostimulator action is multilevel and context-dependent. The same microorganism may produce different effects depending on plant genotype, soil composition, salinity, developmental stage and colonization conditions. Efficacy therefore cannot be predicted reliably from taxonomy or from a single proposed mechanism. The most informative approach combines morphological, physiological, biochemical and molecular indicators.

Microbial biostimulators improve plant salt tolerance by coordinating hormonal regulation, antioxidant protection, osmoprotection, mineral nutrition and root development. Further progress requires genotype-oriented matching of microorganisms and integrated assessment of plant responses rather than universal claims about preparation effects.

PTPN22 GENINING R620W MUTATSIYASINI CRISPR YORDAMIDA TAHRIRLASH ORQALI TUZATISHNING *IN SILICO* TAHLILI

Mamadaliyeva R.A., Ayubov M.S., Yusupov A.N.
O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genomika va bioinformatika markazi.
e-mail: robiya100503@gmail.com

Vitiligo – melanositlar yo'qolishi natijasida yuzaga keladigan autoimmun teri kasalligi bo'lib, dunyo aholisining taxminan 0,5–2% ida uchraydi. So'nggi yillardagi genom miqyosidagi assotsiativ tadqiqotlar (GWAS) vitiligo patogenezida bir qator immunogen genlarning muhim rolini aniqladi. Ulardan biri — *PTPN22* genining 1858C>T missens mutatsiyasi (rs2476601, R620W) bo'lib, bu o'zgarish LYP fosfatazaning faolligini pasaytiradi va T-limfositlarda autoreaktiv signalning kuchayishiga olib keladi. Ushbu polimorfizm ayniqsa, Yevropa populyatsiyalarida vitiligo, 1-toifa qandli diabet va revmatoid artrit kabi autoimmun kasalliklar bilan kuchli bog'liqligi isbotlangan. Shu sababli *PTPN22* R620W mutatsiyasini genomik darajada tuzatish zamonaviy gen terapiyasining istiqbolli yo'nalishlaridan biri hisoblanadi.

Ushbu ishning maqsadi *PTPN22* genidagi patogen 1858C>T mutatsiyasini adenin bazaviy tahrirlash (ABE8e) usuli yordamida tuzatishga yo'naltirilgan *in silico* strategiyani ishlab chiqishdan iborat. Tadqiqotda *PTPN22* geni (NC_000001.11) hamda uning transkript variantlariga tegishli nukleotid ketma-ketliklari NCBI ma'lumotlar bazasidan yuklab olindi. Bioinformatik tahlillar asosida strukturaviy tarkibi annotatsiya qilindi. Shuningdek, genom xaritalash natijasida 1858C>T mutatsiyasi 14-ekzonning 48-nukleotid pozitsiyasida joylashgani aniqlandi. Adenin bazaviy tahrirlash uchun ushbu hudud nishon sifatida tanlab olindi. Genetik konstruksiya uchun yo’naltiruvchi RNK (sgRNA) kutubxonasi CHOPCHOP platformasi yordamida shakllantirildi. Yuzdan ortiq yo’naltiruchi RNK (gRNA)lar orasidan eng optimal sgRNA

AATGATTCAGGTGTCCATACAAGG (antisens zanjir, PAM: AGG) tanlab olindi. Ushbu sgRNA ning ikkilamchi tuzilishi RNAfold dasturi yordamida tuzildi va qo’yilgan talablarga mosligi baholandi (MFE: −24,50 kkal/mol). Tanlangan sgRNA ning protospacer hududida mutatsion sayt ABE8e ning faol tahrirlash oynasida (4–8-pozitsiyalar) optimal joylashganligi tasdiqlandi. CHOPCHOP reytingi bo'yicha sgRNA yuqori samaradorlik ko'rsatkichiga ega (ball: 0,87) va off-target xavfi minimal darajada baholandi. RNAfold tahlili sgRNA ning barqaror ikkilamchi tuzilmasini ko'rsatdi; ushbu tuzilma Cas9 bilan kompleks hosil qilishga to'sqinlik qilmaydi. Genetik konstruksiyani tuzishda asosiy vektor sifatida ABE8e (Addgene #138489, David Liu laboratoriyasi) vektoridan foydalanildi. Tahrirlash strategiyasining biologik asosi shundan iboratki, forward zanjirdagi 1858C>T mutatsiyasi reverse zanjirda G→A ko'rinishida, ya'ni A nukleotidi sifatida namoyon bo'ladi. ABE8e fermenti esa aynan shu reverse zanjiridagi A ni G ga o'zgartirish orqali ishlaydi, bu esa forward zanjirdagi mutant T nukleotidini asl C holatiga qaytarish imkonini beradi. *In-silico* modelashtirish natijalari shuni ko’rsatdiki, ABE8e vektori va tanlangan yo’naltiruvchi RNK asosida olingan CRISPR/Cas genetik konstruksiyasi 1858C>T ning etiologik varianti bo'lmish antisens G nukleotidini maqsadli A ga aylantirish imkonini beradi. Bu orqali melanosit hujayralaridagi R620W mutatsiyani tahrirlash va natijada LYP fosfatazasining normal funksional faolligini amaliyotda tiklashi mumkin.

Xulosa qilib aytganda, tanlangan sgRNA va ABE8e vektor tizimi kombinatsiyasi yuqori aniqlik va minimal off-target xavfi bilan maqsadli hududni tahrirlash imkonini beradi. *In-silico* modelashtirish asosida olingan natijalar kelajakda hujayra modellari va organoidlarda eksperimental tasdiqlash uchun poydevor bo'lib xizmat qilishi hamda vitiligo va boshqa *PTPN22* ga bog'liq autoimmun kasalliklarning gen terapiyasi asosida davolashga qaratilgan yangi tadqiqotlarga asos bo’lishi mumkin.

TUZ STRESSI SHAROITIGA CHIDAMLI G`O`ZA NAVLARINI BIOTEXNOLOGIK USULDA YARATISH

Mamanazarov Sh.I., Normamatov I.S., Makamov A.X., Xusenov N.N., Norbekov J.K., Boyqobilov U.A. Muxammadaliev R.I., Muhammadov Y.A.

O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genomika va bioinformatika markazi.
e-mail: mamanazarovsharofiddin62@gmail.com

Dunyoda global iqlim o‘zgarishi natijasida suv resurslarining tanqisligi, tuproq sho‘rlanish darajasining ortishi, shuningdek, o‘simlik kasalliklari va zararkunanda organizmlarning keng yoyilishi kuzatilmoqda. Ushbu omillar qishloq xo‘jaligi ekinlari unumdorligi va hosildorligiga jiddiy salbiy ta‘sir ko‘rsatib, sohaning iqtisodiy barqarorligini izdan chiqarmoqda. Abiotik stress omillarining eng muhimlaridan biri hisoblangan tuproq sho‘rlanishi so‘ngi yillarda global miqyosda o‘sib, qishloq xo‘jalik sohasida dolzarb muammoga aylanmoqda. BMTning oziq-ovqat va qishloq xo‘jaligi tashkiloti (FAO) hisobotiga ko‘ra, dunyoda dehqonchilik uchun foydalaniladigan dala maydonlarining 8.7 foizi (833 mln gektar) turli darajada tuz stressi ostida qolgan. Shularni hisobga olgan holda, yer yuzida o‘sib borayotgan aholini oziq-ovqat, kiyim-kechak bilan ta’minlash choralarini ko‘rish, qishloq xo‘jaligi ekinlarining turli xil kasalliklarga, qurg‘oqchilik va tuz stressiga chidamli yangi navlarini yaratish seleksionerlar hamda molekulyar biologiya sohasidagi olimlarning asosiy maqsadlaridan biridir. Hozirgi kunda katta dala maydonlarida yetishtiriladigan asosiy ekinlardan biri bo‘lgan g‘o‘za, butun dunyo bo‘yicha ekiladigan maydonlarining deyarli 95 foizini o‘rta tolali g‘o‘za (*G. hirsutum* L.) turiga mansub navlar tashkil etadi. Mazkur turga mansub g‘o‘za navlarida tuz stressiga chidamli va yuqori hosildorlikka ega yangi navlarni yaratish bo‘yicha keng ko‘lamli ilmiy tadqiqotlar olib borilmoqda.

Jahonda g‘o‘za o‘simligini yetishtirishda amalga oshirilgan chora-tadbirlar natijasida ertapishar, serhosil, biotik va abiotik stresslarga chidamli yangi g‘o‘za navlarini yaratish imkoniyati yaratildi. Shu bois, yuqori hosildorligini saqlagan

holda tuz stressiga chidamli yangi g‘o‘za navlarini yaratishda molekulyar genetik va molekulyar biotexnologik yondashuvlarni qo‘llash talab etadi. Bu esa g‘o‘zada ilmiy tadqiqot olib borishning yangi, tezkor va samarali usullaridan, jumladan, gen nokaut, butun genom bo‘ylab assotsiatsiya (Genom-Wide Association Study-GWAS) va markerlarga asoslangan seleksiya (MAS) texnologiyalaridan foydalanishni taqozo etadi. Mazkur zamonaviy yondashuvlar asosida g‘o‘zada tuz stressi javob beruvchi ko‘plab QTL hududlari va nomzod genlarni aniqlash bo‘yicha izchil ilmiy izlanishlar amalga oshirilmoqda. Respublikamizda zamonaviy ilmiy-innovatsion texnologiyalarni g‘o‘za seleksiyasi dasturlarida qo‘llash natijasida, seleksiya jarayonlarini sezilarli darajada qisqartirgan holda, qimmatli-xo‘jalik belgilari takomillashgan, jumladan, biotik va abiotik stress omillariga chidamli, tezpishar, hosildorligi va tola sifati yuqori bo‘lgan yangi navlarni yaratish bo‘yicha muayyan ilmiy natijalarga erishilmoqda.

Tuz stressi qishloq xo‘jalik ekinlariga salbiy ta’sir qilish natijasida ekinlarning hosildorligiga jiddiy zarar yetkazmoqda. Ushbu yuqorida keltirib o‘tilgan mummoni molekulyar va seleksioner olimlar tomonidan tuz stressi muhitiga chidamli qishloq xo‘jalik ekinlarining yuqori va sifatli hosil beradigan yangi biotexnologik navlarni qishloq xo‘jalik soxasiga joriy qilish orqali yengib o‘tish mumkin.

ESCHERICHIA COLI EKSPRESSION TIZIMIDA REKOMBINANT PETAZA OQSILINING HUJAYRA TASHQARISIGA SEKRETSIYASI

[1]Nazirov M.L., [1]Turdiyeva N.B., [2]Qobilov F.B., [2]Xalilov I.M.

[1]Paxtachilik seleksiyasi, urug'chiligi va yetishtirish agrotexnologiyalari instituti;
[2]O'zbekiston Respublikasi Fanlar akademiyasi, Mikrobiologiya instituti.
e-mail: nazirovlatif015@gmail.com

Plastik chiqindilar atrof-muhitda uzoq muddat parchalanmasdan to'planib borishi zamonaviy ekologiyaning dolzarb muammolaridan biri hisoblanadi. Polietilen tereftalat (PET) bunday chiqindilarning katta qismini tashkil qiladi. Bu

muammoni bartaraf etishda biologik parchalanish, xususan Ideonella sakaiensis bakteriyasidan ajratib olingan PETaza fermentidan foydalanish istiqbolli yondashuv sifatida qaralmoqda. PETaza fermenti PET polimer zanjirlarini gidrolizlab, uni tabiiy sharoitda ancha tezroq parchalanadigan mahsulotlarga aylantirish qobiliyatiga ega. Ushbu fermentni sanoat miqyosida qo'llash uchun uni rekombinant yo'l bilan yuqori miqdorda va faol holatda olish muhim ahamiyat kasb etadi.

Mazkur tadqiqotning maqsadi rekombinant PETaza oqsilini Escherichia coli ekspression tizimida hosil qilish, uning hujayradan tashqariga sekretsiyasini o'rganish hamda fermentning funksional faolligini baholashdan iborat bo'ldi. Buning uchun PETaza genini saqlovchi rekombinant konstruksiya SEVA (Standard European Vector Architecture) asosidagi pSEVA234 plazmid vektoriga klonlandi, oqsilning hujayradan tashqariga yo'naltirilishini ta'minlash maqsadida konstruksiyaga pelB signal peptidi biriktirildi.

Tayyorlangan rekombinant konstruksiya heat-shock usuli yordamida E. coli NEB Expression shtammining kompetent hujayralariga transformatsiya qilindi. Transformant hujayralar kanamitsinli LB agar muhitida seleksiya qilinib, olingan koloniyalardan ajratilgan plazmid DNK EcoRI va HindIII restriktaza fermentlari yordamida tahlil qilindi. Kultura optik zichligi (OD600) 0,6 ga yetgach, ekspressiya IPTG bilan induksiya qilindi va namunalar 16°C haroratda 16 soat davomida inkubatsiya qilindi. Hujayralar sentrifugalanib, hosil bo'lgan supernatant fraksiyasi keyingi tahlillar uchun ajratib olindi.

Hujayradan tashqariga sekretsiya qilingan rekombinant PETaza oqsili supernatantdan Ni-NTA affin xromatografiyasi yordamida tozalandi. Tozalangan oqsilning tozaligi va molekulyar og'irligi (taxminan 27–30 kDa) SDS-PAGE va Western blotting usullari orqali tasdiqlandi. Fermentning fermentativ faolligi pNPA substrati asosida spektrofotometrik usulda baholandi, reaksiya mahsulotining optik

zichligi ortishi PETaza fermentining gidrolitik faolligini saqlab qolganligini ko'rsatdi. Bradford usuli yordamida o'tkazilgan miqdoriy tahlilda oqsil hosildorligi o'rtacha 6,5 mg/L ekanligi aniqlandi.

Olingan natijalar rekombinant PETaza oqsilining E. coli ekspression tizimida muvaffaqiyatli sintez qilinishi, hujayradan tashqariga sekretsiya qilinishi hamda funksional faolligini saqlab qolishini ko'rsatdi. Hujayradan tashqariga sekretsiya strategiyasining qo'llanilishi oqsilni tozalash bosqichlarini soddalashtirib, keyingi qayta ishlash va tozalash jarayonlarini yengillashtirdi, bu esa hujayradan tashqariga yo'naltirilgan ekspressiya tizimlarining sanoat biotexnologiyasi uchun istiqbolli ekanligini tasdiqlaydi.

Xulosa qilib aytganda, ushbu tadqiqot ishida rekombinant PETaza oqsilining Escherichia coli NEB Expression tizimida ekspressiyasi va hujayradan tashqariga sekretsiyasi muvaffaqiyatli amalga oshirildi. Olingan natijalar PET chiqindilarini biologik parchalanish texnologiyalarini rivojlantirish hamda ekologik xavfsiz biotexnologik yondashuvlarni takomillashtirish uchun muhim ilmiy asos bo'lib xizmat qiladi va rekombinant fermentlarni sanoat miqyosida ishlab chiqarish istiqbollarini kengaytiradi.

PIOGEN INFEKSIYALARGA QARSHI FITOPREPARATLAR YARATISHDA SYZYGIUM AROMATICUM EKSTRAKTI FRAKSIYALARINING ANTIBAKTERIAL TAVSIFI

Nematova K.M.

Mirzo Ulug‘bek nomidagi O‘zbekiston Milliy Universiteti.
e-mail: devonxona@nuu.uz

Piogen va enterik infeksiyalar qo‘zg‘atuvchilari sog‘liqni saqlash tizimida dolzarb muammo bo‘lib, ularning, ayniqsa beta-laktam antibiotiklarga nisbatan rezistentligi ortib bormoqda. Bu esa samarali va xavfsiz muqobil antibakterial

vositalarni izlash zaruratini yuzaga keltirmoqda. O‘simlik manbalariga asoslangan biofaol birikmalar, xususan Syzygium aromaticum tarkibidagi evgenol keng spektrli antibakterial faollikka ega. Biroq xom ekstrakt tarkibidagi qo‘shimcha komponentlar preparat samaradorligini pasaytirishi mumkin. Shu sababli selektiv fraksiyalash orqali bioaktiv moddalarga boy fraksiyalarni ajratish va ularning antibakterial xususiyatlarini baholash muhim.

Tadqiqotda *Syzygium aromaticum* quritilgan g‘unchalaridan 80% etanol yordamida sovuq maceratsiya usulida ekstrakt olindi.Ekstraksiyadan so‘ng ajratish jarayonini optimallashtirish maqsadida eritma muhiti xlorid kislota (HCl) yordamida pH ≈ 2 gacha keltirildi.Ekstrakt suyuqlik–suyuqlik ekstraksiyasi orqali ketma-ket turli polyarlikdagi erituvchilar (n-geksan, petroleum efiri, xloroform, etilasetat, suv–metanol va suv) bilan fraksiyalandi. Antibakterial faollik agar quduqchali diffuziya usuli yordamida *Staphylococcus aureus* (MSSA,MRSA), *Escherichia col*i va *Salmonella enteritidis* test-kulturalarida o‘rganildi.Mikrob suspenziyasi 0,5 MacFarland standarti asosida tayyorlanib, ingibitsiya zonalari diametri bo‘yicha baholandi.

Syzygium aromaticum ekstrakti turli qutblilikka ega fraksiyalarga ajratilib, ularning antibakterial faolligi qiyosiy baholandi. Natijalar ekstrakt tarkibidagi biofaol komponentlarning asosiy qismi lipofil fraksiyalarda konsentrlanganini ko‘rsatdi.

MSSA shtammlariga nisbatan petroleum efiri fraksiyasi eng yuqori antibakterial ta’sirni namoyon etib, ingibitsiya zonasi 18–20 mm ni tashkil etdi. n-geksan fraksiyasida 14–16 mm diapazonda, xloroform fraksiyasida esa 12–18 mm chegarada o‘sishni to‘xtatish zonalari qayd etildi. Shu bilan birga, gidrofil xususiyatga ega metanol va suv-metanol fraksiyalarida faollik past bo‘lib, 9–12 mm ko‘rsatkichlar aniqlandi.

MRSA shtammlarida umumiy antibakterial faollik pasaygan holda kuzatildi. Petroleum efiri fraksiyasida 16–18 mm ingibitsiya zonalari aniqlangan bo‘lsa, boshqa lipofil fraksiyalarda (n-geksan va xloroform) 10–16 mm diapazonda natijalar qayd etildi. Gidrofil fraksiyalarda esa antibakterial ta’sir minimal darajada bo‘lib, 7–10 mm ni tashkil etdi.

Gram-manfiy bakteriyalarda sezuvchanlikning pastligi qayd etildi. Jumladan *Escherichia coli* shtammlarida petroleum efiri va xloroform fraksiyalarida 13–16 mm, n-geksan fraksiyasida 10–12 mm ingibitsiya zonalari hosil bo‘ldi. Metanol va suv-metanol fraksiyalarida esa minimal ko‘rsatkichlar (7–10 mm) qayd etildi.

Salmonella enteritidis shtammlarida ham shunga o‘xshash tendensiya kuzatildi: petroleum efiri fraksiyasi 14–16 mm, xloroform fraksiyasi 12–14 mm, n-geksan fraksiyasi 10–12 mm diapazonda antibakterial faollik ko‘rsatdi, gidrofil fraksiyalarda esa eng past natijalar (8–10 mm) aniqlandi.

Syzygium aromaticum ekstraktining antimikrob faolligi asosan lipofil fraksiyalar, xususan petroleum efiri va xloroform fraksiyalari bilan bog‘liq ekanligi aniqlandi. Ushbu MSSA va MRSA shtammlariga nisbatan yuqori bakteritsid samaradorlik namoyon qildi, bu esa ularning tarkibidagi evgenol va efir moyi komponentlarining bakterial hujayra membranasiga destruktiv ta’siri bilan izohlanadi. Olingan natijalar asosida mazkur biofaol fraksiyalarni standartlash va ularni fitogel, antiseptik eritma hamda emulsiya kabi farmatsevtik dori shakllariga kiritish orqali polirezistent mikroorganizmlarga qarshi samarali va xavfsiz fitopreparatlar yaratish imkoniyati mavjud.

GMO MAHSULOTLARINING BIOXAVFSIZLIGINI BAHOLASH

Norbekov J.K., Sobirjonov M.I, Sultonov D.Sh.

O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genomika va bioinformatika markazi.
e-mail: jurabeknorbekov1@gmail.com

Bugungi kunda genetik modifikatsiyalangan organizmlar (GMO) qishloq xo‘jaligida hosildorlikni oshirish, o‘simliklarning biotik va abiotik omillarga chidamliligini kuchaytirish hamda oziq-ovqat xavfsizligini ta’minlashda muhim ahamiyat kasb etmoqda. Shu bilan birga, organizm uchun yot bo’lgan genning kiritilishi inson salomatligi va atrof-muhit uchun ehtimoliy xavflar mavjudligi haqidagi ilmiy muhokamalarga sabab bo‘lmoqda. Shu sababli GMO mahsulotlarini bioxavfsizligini baholash zamonaviy biotexnologiyaning muhim yo‘nalishlaridan biri hisoblanadi.

GMO mahsulotlarini baholashda, avvalo, ularning allergenlik va toksiklik darajasi aniqlanadi. Bundan tashqari, antibiotiklarga chidamlilik genlarining mikroorganizmlarga o‘tishi, genlarning pleiotrop ta’siri hamda GM natijasida mahsulotning ozuqaviy qiymatida yuz berishi mumkin bo‘lgan o‘zgarishlar ham xavfli omillari sifatida baholanadi. Ushbu xavflarning namoyon bo‘lish darajasi transgen, sisgen va intragen organizmlarda turlicha bo‘lishi mumkin.

Bioxavfsizlikni baholash xalqaro tavsiyalar asosida bosqichma-bosqich amalga oshiriladi. Bunda donor organizmning xususiyatlari, yangi hosil bo‘lgan oqsilning biologik tavsifi hamda uning ma’lum allergen va toksik oqsillarga o‘xshashligi o‘rganiladi. Zarur hollarda oqsillarning fizik-kimyoviy xususiyatlari, immunologik ko‘rsatkichlari va toksikologik xususiyatlari laboratoriya sharoitida tekshiriladi. Bunday kompleks yondashuv mahsulotning inson iste’moli uchun xavfsizligini ilmiy asosda baholash imkonini beradi.

Dunyo olimlari tomonidan o’rganilgan tadqiqotlarga ko’ra, xalqaro talablar asosida bioxavfsizlik baholashidan muvaffaqiyatli o‘tgan GMO mahsulotlarida an’anaviy mahsulotlarga nisbatan yuqori allergenlik yoki toksiklik xavfi aniqlanmagan. Shu bilan birga, har bir yangi GM mahsulot alohida baholanib, uning inson salomatligi va atrof-muhitga ta’siri ilmiy jihatdan asoslanishi zarur. Aynan shunday yondashuv GMO mahsulotlarini xavfsiz qo‘llash hamda oziq-ovqat xavfsizligini ta’minlashda muhim ahamiyat kasb etadi.

AGROBACTERIUM TUMEFACIENS YORDAMIDA PHYB RNAi GENETIK KONSTRUKSIYASINI G’O‘ZAGA (*GOSSYPIUM HIRSUTUM L*) TRANSFORMATSIYA QILISH

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

O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genomika va bioinformatika markazi.
e-mail: obidovnuriddin17@gmail.com

Paxta dunyo ekin maydonini asosiy tolali hamda moyli ekin turi hisoblanadi, shu sababli dunyo olimlari oldiga yuqori sifatli va hosildorligi yuqori bo‘lgan paxta navlarini ishlab chiqish vazifasi qo‘yilgan. Dunyo olimlari ananaviy seleksiya usullari bilan birga o‘simlik genomini maqsadli tahrirlash medodlarini ham qo‘llay boshladi. Genomni tahrirlashning samarador usullaridan biri bu RNK interferensiya yordamida post-transcripsion genlarni “o‘chirish” hamda *Agrobacterium* vositasida regenerant o‘simliklar olish hisoblanadi. G‘o‘za fitoxrom B (PHYB) genini RNK interferensiyalovchi genetik konstruksiyasini tutgan *Agrobacterium tumefaciensning* EHA105 shtammini o‘simlikka transformasiyasini ko‘rib chiqamiz.

Dastlab PHYB RNKi genetik konstruksiyasi tutgan EHA105 agrobakreriumni -80 gradusda saqlanyotgan stogidan olib, oldindan tayyorlab qo‘yilgan tarkibida rifampitsilin (40mg/l) va spektonamitsin (50mg/l) mavjud bo‘lgan 20 ml yep suyuq ozuqasiga 15 mkl qo‘shib, 28^0C da 16 soat davomida maxsus kachalka yordamida 200 rpmda o‘stiriladi. O‘sgan EHA105 koloniyasini sentirafugada +4 ^{0}C, 10 minut, 4000 rpmda cho‘ktiriladi. Supernatant to‘kib tashlanib, cho‘kma ustiga pH 5.6 bo‘lgan 20ml PIM qo‘shib, qisqa vortex qilinadi. Erigan eritmani (4-6) soat davomida 28 ^{0}C ga kachalkaga qo‘yiladi. PIM maxsus spektrofotometr aparati yordamida ODD 600 nmga to‘g‘irlanadi, hamda 1ml PIM hisobida 2mkl acetosyringone (10mg/ml) qo‘shiladi. Yuqoridagi jarayonlar mus ustida bajariladi.

MS agarli ozuqaga ekilgan maxsus C-312 chigitlari uch kun davomida 23 ^{0}C qorong‘u joyda saqlanadi, urug‘lar unib chiqqandan so‘ng, 7 kun 25 ^{0}C yorug‘likda to‘liq rivojlanib, gipokotellari hosil bo‘lguncha saqlanadi. Unib chiqqan nihol gipokotellari 7-8 mm qilib kesiladi, hamda P1 (antibiotiksiz) ozuqaga terib chiqiladi va tezda tayyorlangan bakteriya suzpenziyasi gipokotelni har ikki uchiga tomiziladi. Konstruksiya tomizilgan namunalar 23 ^{0}C da qorong‘u sharoitda 3 kun saqlanadi. 3 kundan so‘ng esa ozuqa muhiti antibiotikli ozuqa muhitiga almashtiriladi. 3 hafta davomida namunalardan kallus hosil bo‘ladi va kallus to‘qimalari 3 mm bo‘lganida P7 ozuqa muhitiga o‘tkaziladi. Agar kallus to‘qimalari 3 mm dan kam bo‘lsa, P1 muhitida saqlanadi va keyinchalik P7 ga o‘zgartiriladi. P7 ozuqa muhitida 12-16 hafta davomida saqlangandan so‘ng, kallus to‘qimalaridan somatik embrionlar olish uchun HCS muhitiga o‘tkazdik. Ushbu tadqiqot davomida erta gullaydigan, serhosil hamda abiotik stresslarga bardoshli bo‘lgan biotexnologik g‘o‘za liniyalarini olish kutilmoqda.

COLLETOTRICHUM TURKUMI ZAMBURUG‘LARNING SPT-8 GENI BO‘YICHA NOKAUT-MUTANT SHTAMMLARINI OLISH

Ravshanov H.T.

Mirzo Ulug‘bek nomidagi O‘zbekiston Milliy universiteti.
e-mail: hamroqulravshanov625@gmail.com

Ma’lumki, insoniyatning ozuqa manbai hisoblangan o‘simliklarga zarar keltiradigan fitopatogenlar bilan kurashish, hozirgi davrda dolzarb muammolardan biri bo‘lib qolmoqda. Shunday fitopatogenlardan ayniqsa, *Colletotrichum* turkumi zamburug‘lari eng xavfli fitopatogenlardan biri hisoblanadi.

Zamonaviy biotexnologiyada genetik muhandislik yondashuvlari orqali *Colletotrichum* turkumi zamburug‘larining patogenlik mexanizmlarini o‘rganish, ularga qarshi samarali nazorat choralarini ishlab chiqish muhim ilmiy yo‘nalishlardan biridir. Tadqiqot davomida klassik mikrobiologik, molekulyar-biologik, genetik muhandislik, PCR, elektroforez, transformatsiya, va bioinformatik tahlil usullaridan foydalanish ko‘zda tutilgan.

Spt-8 geni zamburug‘larda transkripsiyani boshqarishda ishtirok etuvchi muhim komponentlardan bo‘lib, uning funksiyasini o‘rganish *Colletotrichum* turkumining patogenlik darajasini tushunishda katta ahamiyat kasb etadi. Ilmiy izlanish davomida *Colletotrichum* turkumi zamburug‘larni kasallangan olma daraxtlarning to‘qimalardan ajratish va monokonidial izolyatlarini olinadi, ajratib olingan izolyatlarni mikroskopik va molekulyar-genetik identifikatsiya qilinadi. *Colletotrichum* turkumi zamburug‘larning Spt-8 geniga deletsiya (nokaut) konstruksiyasini tuzish uchun praymerlarni bioinformatik dizayn qilinadi. Spt-8 genining deletsiya kassetasini *Colletotrichum* shtammining protoplastlariga transformatsiya qilinadi va protoplastlarini transformatsiya natijasida olingan gigromitsinga chidamli *Colletotrichum* shtammining deletsiya (nokaut) zamburug‘ koloniyalarni olish ishlari amalga oshiriladi.

Colletotrichum fitopatogen zamburug‘ keltirib chiqaradigan antraknoz va olma achchiq chirishiga qarshi Spt-8 geni bo‘yicha nokaut-mutant shtammlarini olish ushbu zamburug‘larning genetik va fiziologik xususiyatlarini tahlil qilishda muhim ilmiy-amaliy ahamiyatga ega. Gen funksiyalarini tushunishning birinchi bosqichi individual genlarning deletsiya (nokaut) qilish hamda ularni over-ekspressiya qilish imkonini beradi.

BUG‘DOY VA G‘O‘ZA EKINLARIDA QURG‘OQCHILIK HAMDA SHO‘RLANISHGA CHIDAMLILIKNING GENETIK ARXITEKTURASI

Raxmanov B.K., Usmonov D.E., Azimov A.A., Abdukarimov Sh.S., Buriyev Z.T., Abduraxmonov I.Y.

O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genomika va bioinformatika markazi.
e-mail: bakhtiyor.rakhmanov@gmail.com

Hozirgi global iqlim o‘zgarishi sharoitida qurg‘oqchilik va tuproq sho‘rlanishining bir vaqtda namoyon bo‘lishi, ayniqsa, geksaploid bug‘doy (*Triticum aestivum*) va allotetraploid g‘o‘za (*Gossypium hirsutum*) kabi strategik ekinlar hosildorligiga salbiy ta’sir etuvchi asosiy omil bo‘lib qolmoqda. An’anaviy seleksiya usullarining ushbu murakkab va poligen stress omillariga qarshi kurashish imkoniyatlari cheklanganligi sababli, CRISPR/Cas9 texnologiyasi orqali genomni aniq tahrirlash hosil barqarorligini ta’minlashning eng ishonchli strategik yo‘lidir.

Bug‘doyda asosiy e’tibor absiz kislotasi signal yo‘lidagi salbiy regulyatorlarni (masalan, *TaSAL1* yoki *TaERA1* lokuslarini) nokaut qilishga qaratilgan bo‘lib, bu jarayon suv sarfini optimallashtiradi va qurg‘oqchilikda stomatalarning tez yopilishini ta’minlaydi. Biroq, bug‘doy poliploid bo‘lgani sababli, CRISPR strategiyasi barcha gomologik genlarni bir vaqtda nishonga olishi

shart, aks holda tahrirlanmagan sub-genomlar kerakli fenotipik o‘zgarishni namoyon etmasligi mumkin.

G‘o‘za seleksiyasida ionli toksiklikni kamaytirish uchun *GhWRKY* transkripsiya faktorlari yoki *GhNHX* (natriy-vodorod antiporteri) genlarining promotor qismini tahrirlash orqali sitoplazmadagi ortiqcha tuzni vakuolalarga yo‘naltirish samarali usuldir. Lekin transkripsiya omillari asosiy boshqaruvchi bo‘lgani uchun ularni butunlay o‘chirish pleyotropik effektlar o‘simlik o‘sishi sekinlashishi yoki tola sifati yomonlashishiga olib kelishi mumkin.

Shu bois, gen tahrirlashda asosiy maqsad o‘simlikning tabiiy muvozanatini buzmagan holda, genlar faoliyatini tashqi muhit stressiga moslab sozlash orqali maksimal samaradorlikka erishishdir.

G‘O‘ZADA ILK ARTEMIZININ HETEROLOGIC BIOSINTEZINI YO‘LGA QO‘YISHNING *IN SILICO* VA MOLEKULYAR-GENETIK TAHLILI

Raxmanov B.K., Buriyev Z.T., Ubaydullayeva X.A., Usmonov D.E., Shermatov Sh.E., Abduraxmonov I.Y.

O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genomika va bioinformatika markazi.
e-mail: bakhtiyor.rakhmanov@gmail.com

Bezgakka qarshi samarli vosita bo‘lgan artemizinin va uning oraliq birikmasi arteannuin B ning biosintezini muqobil manbalarda yo‘lga qo‘yish biotexnologiyaning dolzarb vazifasidir. Ushbu tadqiqotda *Artemisia annua* L. o‘simligining oqsil kodlovchi *cADS* genini g‘o‘za (*Gossypium hirsutum* L.) genomiga kiritish hamda metabolik yo’llari o‘rganildi.

In silico 3D-modellashtirish va 3D-strukturaviy superpozitsiya tahlillari natijasida AaADS va endogen GhCAD oqsillari o‘rtasida yuqori fazoviy gomologiyani (RMSD = 0,941 Å) hamda ekzogen fermentning konformatsion

barqarorligi tasdiqlandi. *A. tumefaciens* transfotmatsiyasi va somatik embriogenez bosqichlari orqali olingan transformant g‘o‘za liniyalarida kiritilgan gen PCR va RT-qPCR orqali tasdiqlandi. Sanger sekvenirlash va BLASTn alignment natijalari Gh_ART2 va Gh_ART5 liniyalaridagi aniqlangan *Aa-cADS* geni nukleotidlar ketma-ketligi GenBank ma’lumotlar bazasidagi donor *Aa-cADS* geni (HQ315833.1) bilan 100% identik ekanligini ko‘rsatdi. UHPLC-MS usulida o‘tkazilgan metabolomik tahlil natijalarida birinchi marta transformant g‘o‘za liniyalarida artemizinin va arteannuin B metabolitlari to‘planishi qayd etildi.

Metabolik muhandisligi va bioinformatika usullarining uyg‘unligi g‘o‘zada maqsadli ikkilamchi metabolitlar sintezini samarali yo‘lga qo‘yish imkonini namoyon etdi.

GOSSYPIUM HIRSUTUM L. O‘SIMLIGIDA FAR1-RELATED SEQUENCE (FRS) GENLARINI RNK-INTERFERENSIYA ASOSIDA MOLEKULYAR-FUNKSIONAL BAHOLASH

[1,2]Sharifjonov A.A., [1]Usmanov D.E., [1]Sobirov B.M., [1,2]Abdukarimov Sh.S., [1]Xusanbayeva Sh.R., [1]Abdug‘afforov A.T., [1]Juraqulov D.S., [1]Ziyodov O.T., [1]Buriev Z.T.

[1]O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genomika va bioinformatika markazi;
[2]O‘zbekiston Milliy Universiteti.
e-mail: abrorbeksharifjonov9@gmail.com

Yorug‘lik o‘simliklarning o‘sishi va rivojlanishini boshqaruvchi asosiy ekologik omillardan biri bo‘lib, fotoretseptorlar yorug‘lik signalini qabul qilib, uni genlar ekspressiyasidagi o‘zgarishlar orqali o‘simlikning o‘sishi va rivojlanishidagi fenotipik javobga aylantiradi. Fitoxrom signal uzatish tizimining muhim komponentlaridan biri FAR1-RELATED SEQUENCE (FRS) genlar oilasi hisoblanadi. Model o‘simlik *Arabidopsis thaliana*da olib borilgan tadqiqotlar FRS genlari gullash vaqtini va vegetativ o‘sishni manfiy regulyatsiya qiluvchi

transkripsion omillar sifatida faoliyat yuritishi tadqiq qilingan. Biroq qishloq xo‘jaligi ahamiyatiga ega ekin o‘simliklarida, xususan *Gossypium hirsutum* turida FRS genlarining funksional roli yetarli darajada o‘rganilmagan. G‘o‘zada gullash vaqtining genetik boshqaruvi va stressga moslashuv mexanizmlarini aniqlash seleksiya jarayonini tezlashtirish va hosildorlikni barqarorlashtirish nuqtai nazaridan muhimdir.

Mazkur tadqiqotning asosiy maqsadi *G.hirsutum* o‘simligida FRS genlari ekspressiyasini RNK-interferensiya (RNKi) texnologiyasi yordamida pasaytirish orqali erta gullovchi hamda abiotik stress omillariga nisbatan chidamli o‘simliklar olish uchun molekulyar asos yaratishdan iborat. Tadqiqot obyekti sifatida *G.hirsutum* turiga mansub laboratoriya liniyasi tanlab olindi. Dastlab g‘o‘za genomidagi FRS genlari bioinformatik tahlillar (sekvens ma’lumotlari qidiruvi, domen analizi va filogenetik baholash) asosida identifikatsiya qilindi hamda ularning ekspressiya profillari mavjud transkriptom ma’lumotlari asosida tahlil qilindi. Maqsad genning konservativ hududlariga asoslanib RNKi uchun spetsifik fragment tanlandi va binar vektor asosida konstruksiya dizayn qilindi. Hosil qilingan FRS-RNKi konstruksiya *Agrobacterium tumefaciens* shtammiga kiritildi. Transformatsiya jarayoni g‘o‘zaning steril sharoitda olingan gipokotil eksplantlarida amalga oshirildi. Transformatsiyadan so‘ng eksplantlar kanamitsinga chidamli selektiv ozuqa muhitiga ko‘chirildi. Selektiv bosim ostida vektor konstruksiyasini integratsiya qilgan to‘qimalarda kallus hosil bo‘lishi kuzatildi. Hozirgi bosqichda transgen kalluslarning hosil bo‘lish dinamikasi, ularning morfologik xususiyatlari hamda in vitro rivojlanish ko‘rsatkichlari monitoring qilinmoqda.

Regeneratsiya qilingan transgen o‘simliklarda FRS genlari ekspressiya darajasi qRT-PCR usuli asosida aniqlanadi. Shuningdek, gullash vaqti, vegetativ biomassa, gipokotil uzunligi va fotomorfogenetik belgilar baholanadi. Abiotik

stress omillari (sho‘rlanish va qurg‘oqchilik modeli) sharoitida o‘simliklarning fiziologik va fenotipik javob reaksiyalari tahlil qilinadi. Mazkur tadqiqot FRS genlarining g‘o‘zadagi funksional rolini aniqlashga, gullash vaqtining genetik regulyatsiya mexanizmlarini chuqurroq tushunishga hamda stressga chidamli, erta pishar genotiplarni yaratish uchun molekulyar-genetik asos ishlab chiqishga xizmat qiladi. Olingan natijalar agrobiotexnologiya va zamonaviy molekulyar seleksiya yo‘nalishlari uchun muhim nazariy va amaliy ahamiyatga ega bo‘lishi kutilmoqda.

O`ZBEKISTON NOYOB ENDOFIT ACHITQILARINING BIOTEXNOLOGIK POTENSIALI

Shodiyeva D.G`.

O`zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi, Mikrobiologiya instituti
e-mail: dildoraannayeva786@gmail.com

Butun dunyoda endofit mikroorganizmlar keng miqyosda o`rganilmoqda. Ular ichida endofit achitqilar bugungi kunda nisbatan kam o`rganilgan soha hisoblanadi. Endofit achitqilar boshqa achitqi turlariga qaraganda yuqori potensialining asosiy sababi ular o`simlik ichki muhitida barqaror ikkilamchi metabolitlar, fiziologik faol moddalar ishlab chiqaradi va shu orqali o`zini turli stress omillardan himoya qiladi. Shu sababli ham endofit achitqilarni o`rganish, ularning tarqalish qonuniyatlari, o`simliklarning turli qismlarida uchrashini tahlil qilish muhim. Bu orqali endofit achitqilar tabiiy biologik aktiv moddalarning produtsenti sifatida yaxshi potensialga ega. Shuni hisobga olib, O`zbekiston hududidagi endofit achiqtilarni bioxilma-xilligini tahlil qilish, achitqi izolyatlarini ajratib olib, faolliklarini o`rganish muhimdur. Shu sababdan ham tadqiqotlarimizda, O`zbekiston hududidan endofit achitqilar ajratib olindi, ular dastlab klassik usulda indentifikatsiya qilindi va MaldiToff masspektr orqali aniqlanganda xilma-xil endofit achitqilar borligi kuzatildi. Bunda umumiy 50 ta izolyatdan 37 tasi

aniqlandi va ularning 5 tasi hali endofit sifatida ajratib olinmagan achitqilar ekani kuzatildi. Ushbu achitqilarning *Metschnikowia* avlodi vakillarida yuqori antifungal, fitopatogen xususiyat bilan bir qatorda, pigment hosil qilish xususiyati ham aniqlandi. Ushbu pigment sintez qilish xususiyatiga javob beruvchi genlar klasteri aniqlandi va bu achitqilarning O`zbekiston hududidagi ilk tadqiqotlarning boshlanishi sifatida qarash mumkin.

O`zbekiston hududidagi endofit achitqilar boy va noyob xilma-xillikka, biotexnologik potensialga, tegishli genlar klasteriga egaligini ko`rsatib, keyingi tadqiqotlarda muhim yo`nalish sifatida istiqbollarga ega.

GMO MAHSULOTLARINI TOKSIKLIGINI BAHOLASHDA ZAMONAVIY YONDASHUVLAR

Sobirjonov M.I., Sultonov D.Sh., Norbekov J.K.

O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genomika va bioinformatika markazi.
e-mail: sobirjonovmahmud2@gmail.com

Genetik modifikatsiyalangan (GM) mahsulotlar bioxavfsizligini baholashda toksiklikni aniqlash muhim yo‘nalishlardan biri hisoblanadi. Ayrim oqsillar tabiiy sharoitda ham toksik xususiyatga ega bo‘lishi mumkinligi sababli, GM natijasida hosil bo‘lgan yangi oqsillarning ham inson salomatligiga ta’siri alohida baholanadi. Shu maqsadda har bir yangi GM mahsulot bosqichma-bosqich toksikologik tekshiruvlardan o‘tkaziladi.

Toksiklikni baholash jarayonida, avvalo, GM mahsulotning an’anaviy o‘xshash mahsulotdan sezilarli farq qilishi yoki qilmasligi aniqlanadi. Agar mahsulot tarkibida muhim o‘zgarishlar kuzatilmasa, qo‘shimcha toksikologik tadqiqotlarga ehtiyoj kamayadi. Aksincha, yangi biologik xususiyatlar aniqlangan hollarda mahsulotning toksikligi batafsil tahlil qilinadi. Baholash davomida GM mahsulotlarning iste’mol qilinadigan qismidagi toksinlar miqdori, yangi

oqsillarning ma’lum toksinlar bilan o‘xshashligi, ularning issiqlikka chidamliligi hamda oshqozon-ichak tizimida parchalanish tezligi aniqlanadi. Bundan tashqari, yangi moddalarning hujayra kulturasi sharoitidagi toksik ta’siri ham o‘rganiladi. Ushbu tahlillar mahsulotning ehtimoliy toksik xavfini dastlabki bosqichda baholash imkonini beradi.

Zarur hollarda laboratoriya hayvonlarida toksikologik tadqiqotlar ham o‘tkaziladi. Bunday tadqiqotlarda yangi oqsillarning organizmga ta’siri, tana vaznidagi o‘zgarishlar, alohida organlarning holati hamda reproduktiv tizimga ta’siri baholanadi. Shuningdek, mutagenlik, kantserogenlik va boshqa biologik ko‘rsatkichlar ham nazorat qilinadi. Olingan natijalar asosida GM mahsulotlarning iste’mol uchun xavfsizligi ilmiy jihatdan baholanadi.

Olimlar tomonidan o‘rganilgan tadqiqotlarga ko‘ra, toksiklikni baholash zamonaviy bioxavfsizlik tizimining ajralmas qismi hisoblanadi. Kompleks toksikologik tadqiqotlar GM mahsulotlarning inson salomatligiga ehtimoliy salbiy ta’sirini oldindan aniqlash hamda ularning xavfsizligini ishonchli baholash imkonini beradi.

CRISPR/CAS9 MEDIATED FRUIT QUALITY GENE EDITING IN TOMATO: ADVANCES IN TRANSFORMATION EFFICIENCY

[1]Sodikova M.O., [1]Atamirzaeva R.A., [1]Abdirahimova S.Sh., [2]Nazirov M.M., [2]Kurbonov A.Y., [1]Turaev O.S.

[1]Research Institute of Plant Genetic Resources, National Center for Knowledge and Innovation in Agriculture;
[2]Cotton Breeding, Seed Production and Agrotechnology Research Institute, National Center for Knowledge and Innovation in Agriculture.
e-mail: sayoraabdirahimova@gmail.com

Tomato (*Solanum lycopersicum* L.) one of the most economically important vegetable crops worldwide, and fruit quality traits such as pigmentation, flavor, and ripening behavior are decisive for both consumer acceptance and post-harvest shelf

life. CRISPR/Cas9-mediated genome editing offers a precise and efficient tool for dissecting and reprogramming these pathways through the generation of targeted gene knockouts. However, the practical application of this technology in tomatoes continues to be constrained by a persistent bottleneck: the efficiency of genetic transformation, which strongly determines how quickly and reliably edited lines can be recovered.

Four regulatory genes are of particular relevance to fruit color and ripening improvement programs: *PHYTOENE SYNTHASE* 1 (*PSY1*), *MYB12*, *STAY-GREEN* 1 (*SGR1*) and *ACC OXIDASE* 1 (*ACO1*) encodes an enzyme that triggers climacteric ripening. In tomatoes, Agrobacterium tumefaciens-mediated delivery of the CRISPR/Cas9 construct into cotyledon or hypocotyl explants remains the standard route, followed by callus induction, selection, and shoot regeneration in vitro.

However, the transformation efficiency in tomatoes is negatively affected by a combination of interacting factors. The most influential factor is genotype; commercially valuable cultivars such as Riogrande, Roma, and many local landraces show markedly lower regeneration and transformation rates than model genotypes such as Micro-Tom or Ailsa Craig. In addition, prolonged tissue culture increases somaclonal variation and callus browning, further reducing the recovery of fertile and non-chimeric T_0 plants.

Several modern strategies have been developed to address these limitations. The constitutive expression of developmental regulator fusions, such as SlGRF4–GIF1 or AtGRF5–GIF1 chimeric constructs, has been shown to substantially enhance both callus transformation and shoot regeneration efficiency across multiple tomato genotypes, partially decoupling transformation success from genotype identity. Non-destructive visual reporter systems, such as the RUBY

betalain marker, allow real-time identification of transformed tissue without antibiotic or herbicide selection, thereby accelerating screening.

For Uzbekistan, future research should prioritize adapting genotype-independent transformation protocols, to achieve precise multiplexed knockout of *PSY1*, *MYB12*, *SGR1*, and *ACO1*.

In summary, realizing the full potential of CRISPR/Cas9-based improvement of tomato fruit quality depends as much on solving the transformation efficiency bottleneck as on the target gene selection, thereby contributing to food security and sustainable vegetable production.

RNKI ASOSIDA OLINGAN RNKi_FRS10 va pSyn-FoSTUA TRANSGEN G‘O‘ZA URUG’INING BIOXAVFSIZLIGINI KOMPLEKS BAHOLASH

Sultonov D. Sh., Sobirjonov M., Norbekov J.K.

O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genomika va bioinformatika markazi
e-mail: sultonovdilshod888@gmail.com

Dunyo aholisining ortib borishi va oziq-ovqat xavfsizligini ta’minlash zarurati qishloq xo‘jaligida yuqori hosildor hamda biotik va abiotik stress omillariga chidamli yangi navlarni yaratishni dolzarb masalaga aylantirmoqda. So‘nggi yillarda zamonaviy biotexnologiya va gen muhandisligi usullari, jumladan RNK interferensiyasi (RNAi) texnologiyasi asosida qimmatli xo‘jalik belgilariga ega transgen o‘simliklarni yaratish bo‘yicha keng ko‘lamli tadqiqotlar olib borilmoqda. Biroq genetik modifikatsiyalangan organizm (GMO) larni amaliyotga joriy etishdan oldin ularning inson salomatligiga, ekalogiya va atrof-muhitga ta’sirini ilmiy asosda baholash bioxavfsizlikning asosiy talablaridan biridir.

Ayrim ilmiy manbalarda GM mahsulotlarning gonadotoksik, mutagen, embriotoksik va teratogen ta’sir ko‘rsatishi mumkinligi qayd etilganligi sababli, har bir yangi transgen namunalarni individual ravishda kompleks toksikologik tahlildan o‘ztkazilishi lozim.

Mazkur tadqiqotda RNKi_FRS10 va pSyn-FoSTUA transgen g‘o‘za namunalari urug‘larining bioxavfsizligi transgen bo‘lmagan Coker-312 navi bilan qiyosiy baholandi. Tajribalar laboratoriya sharoitida kalamushlarda xalqaro toksikologik baholash usullariga muvofiq olib borildi. Tadqiqot davomida subxronik toksiklik, kumulyativ ta’sir, tana vazni dinamikasi, ichki organlarning nisbiy massasi, gematologik va biokimyoviy qon ko‘rsatkichlari, reproduktiv tizim holati, mutagenlik, embriotoksiklik, teratogenlik hamda F_1 va F_2 avlodlarining postnatal rivojlanish xususiyatlari o‘rganildi.

Olingan natijalar shuni ko‘rsatadiki, RNKi_FRS10 va pSyn-FoSTUA g‘o‘za urug‘larini uzoq muddat davomida iste’mol qilgan tajriba kalamushlarida tana vazni o‘sishi, ichki organlar massasi, periferik qon ko‘rsatkichlari hamda metabolik jarayonlarga oid biokimyoviy belgilari nazorat guruhiga nisbatan sezilarli farq qilmaganligini ko‘rsatdi.

Tadqiqot yakunida har ikkala transgen g‘o‘za namunalari urug‘lari toksikologik, reproduktiv va genetik xavfsizlik ko‘rsatkichlari bo‘yicha transgen bo‘lmagan Coker-312 naviga biologik jihatdan ekvivalent ekanligi hamda tajriba sharoitida bioxavfsizlik talablariga javob berishi aniqlandi. Olingan ma’lumotlar ushbu transgen g‘o‘za namunalari biologik jihatdan xavfsiz ekanligini tasdiqlaydi hamda ularni amaliyotga joriy qilish va keyingi seleksiya ishlarida qo‘zllash mumkinligini anglatadi.

SUT YO‘NALISHIDAGI QORAMOLLAR OVQAT HAZM QILISH TIZIMI MIKROBIOTASIDAN AJRATIB OLINGAN ISTIQBOLLI BAKTERIAL SHTAMMLARNING BIOTEXNOLOGIK AHAMIYATI

Tohirova O.S., Davronov K., Turaeva B.I.

Sharof Rashidov nomidagi Samarqand davlat universiteti;
O‘zbekiston Respublikasi Fanlar akademiyasi Mikrobiologiya instituti.
e-mail: orzigultoxirova@gmail.com

Yirik shoxli qoramollarning ovqat hazm qilish tizimi murakkab mikrobiologik ekotizim bo‘lib, unda ko‘plab mikroorganizmlar ishtirokida oziqa tarkibidagi murakkab organik birikmalarning fermentativ parchalanishi amalga oshadi. Ovqat hazm qilish tizimi mikrobiotasining tarkibi hayvonlarda oziqa moddalarining o‘zlashtirilishi va mahsuldorlikka bevosita ta’sir ko‘rsatadi. Shu sababli ovqat hazm qilish tizimi mikroorganizmlarini o‘rganish va ulardan biotexnologik maqsadlarda foydalanish zamonaviy mikrobiologiya va chorvachilik biotexnologiyasining muhim yo‘nalishlaridan biri hisoblanadi.

Ovqat hazm qilish tizimi mikrobiotasidagi bakteriyalar oziqa komponentlarining parchalanishi, fermentativ jarayonlar va turli metabolitlar hosil bo‘lishida muhim rol o‘ynaydi. Ushbu mikroorganizmlarni ajratib olish va ularning biologik xususiyatlarini o‘rganish asosida ekologik xavfsiz biologik qo‘shimchalar hamda biopreparatlar yaratish imkoniyati mavjud. Mazkur mikrobiotaning tarkibi oziqlanish turi va hayvon mahsuldorligi bilan chambarchas bog‘liq bo‘lib, istiqbolli bakterial shtammlarni tanlash chorvachilik biotexnologiyasi uchun muhim hisoblanadi. So‘nggi yillarda ovqat hazm qilish tizimi mikrobiotasini MALDI-TOF mass-spektrometriya usuli yordamida tezkor va yuqori aniqlikda identifikatsiya qilish istiqbolli mikroorganizmlarni saralashni sezilarli darajada soddalashtirmoqda. Bu usul mahalliy mikroorganizmlar kolleksiyasini

shakllantirish va ularning amaliy ahamiyatini baholashda samarali vosita hisoblanadi.

Mazkur tadqiqotning maqsadi sut yo‘nalishidagi qoramollar ovqat hazm qilish tizimi mikrobiotasidan bakterial shtammlarni ajratib olish, ularning dastlabki xususiyatlarini tavsiflash va biotexnologik qo‘llash imkoniyatlarini baholashdan iborat. Tadqiqot davomida sut yo‘nalishidagi qoramollardan olingan biologik namunalardan mikrobiologik usullar yordamida sof bakterial kulturalar ajratib olindi. Ajratilgan izolyatlar koloniya morfologiyasi, mikroskopik va biokimyoviy xususiyatlari asosida tavsiflandi. Gram usulida bo‘yash orqali ularning hujayra tuzilishi baholandi. Sof kulturalar bir necha bosqichli qayta ekish usuli yordamida tozalandi va bakterial shtammlarning identifikatsiyasi MALDI-TOF mass-spektrometriya usuli yordamida amalga oshirildi. Ushbu yondashuv bakterial turlarni ishonchli aniqlash hamda istiqbolli shtammlarni saralash imkonini berdi. Olingan natijalarga ko‘ra, MALDI-TOF mass-spektrometriya usuli yordamida jami 35 tur mikroorganizm identifikatsiya qilindi. Ular orasidan *Lysinibacillus boronitolerans, Rothia endophytica, Exiguobacterium indicum, Lysinibacillus sphaericus* hamda *Bacillus licheniformis* biotexnologik jihatdan istiqbolli bakterial shtammlar sifatida tanlab olindi. Jumladan, *Bacillus licheniformis* proteaza va amilaza kabi gidrolitik fermentlarni ishlab chiqarish qobiliyati bilan ajralib turadi hamda biologik faol qo‘shimchalar va biopreparatlar yaratishda istiqbolli mikroorganizmlardan biri hisoblanadi. *Lysinibacillus boronitolerans va Lysinibacillus sphaericus* ekologik barqarorligi hamda metabolik faolligi bilan ajralib turadi. *Exiguobacterium indicum va Rothia endophytica* fermentativ faolligi hamda biotexnologik salohiyati tufayli chorvachilik biotexnologiyasida qo‘llash uchun istiqbolli bakteriyalar sifatida baholandi.

Xulosa qilib aytganda, sut yo‘nalishidagi qoramollar ovqat hazm qilish tizimi mikrobiotasidan ajratib olingan bakterial shtammlar biologik faol qo‘shimchalar va biopreparatlar yaratish uchun istiqbolli mikrobial resurs hisoblanadi. Olingan natijalar mahalliy bakterial shtammlar kolleksiyasini shakllantirish hamda ularning biotexnologik imkoniyatlarini baholash uchun muhim ilmiy asos yaratadi. Kelgusida ushbu mikroorganizmlarning funksional va genetik xususiyatlarini chuqur o‘rganish ularning chorvachilik biotexnologiyasida amaliy qo‘llash imkoniyatlarini kengaytiradi.

KARTOSHKA (*SOLANUM TUBEROSUM L.*) REGENERATSIYASIDA TRANSFORMATSIYADAN KEYINGI OZUQA MUHITLARINING AHAMIYATI

Xusanbayeva Sh.R., Usmanov D.E., Juraqulov D.S., Buriyev Z.T.

O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genomika va bioinformatika markazi.
e-mail: shakhnozakhusanbayeva@gmail.com

Bugungi kunda kartoshka biotexnologiyasida *Agrobacterium* vositasidagi transformatsiya va CRISPR/Cas genom tahrirlash usullari ustuvor yo‘nalish hisoblanadi. Biroq, transformatsiyalangan hujayralardan to‘liq regenerant o‘simlik olish jarayoni ozuqa muhitining tarkibiga o‘ta sezgir bo‘lib, bu jarayonni optimallashtirish dolzarb ilmiy muammo hisoblanadi.

Ushbu tezisda genetik transformatsiya qilingan kartoshka eksplantlarining muvaffaqiyatli regeneratsiyasida post-transformatsion ozuqa muhitlarining roli tahlil qilingan.

Tadqiqotda bakteriostatik antibiotiklar, seleksion agentlar va o‘simlik o‘sish regulyatorlarining (fitogormonlar) regeneratsiya samaradorligiga ta’siri ko‘rib

chiqiladi. Shuningdek, CRISPR/Cas texnologiyasi sharoitida genom barqarorligini saqlash uchun ozuqa muhitini optimallashtirish masalalari yoritilgan.

Transformatsiyadan so‘ng eksplantlar tarkibidagi ortiqcha bakterial fonni yo‘qotish uchun sefotaksim yoki timentin kabi antibiotiklar qo‘llaniladi. Tadqiqotlar shuni ko‘rsatadiki, ushbu moddalarning optimal konsentratsiyasi fitotoksiklikni kamaytirib, hujayra hayotchanligini saqlaydi. Seleksiya bosqichida esa kanamitsin yoki gigromitsin kabi marker agentlarni bosqichma-bosqich oshirib borish to‘qimalar nekrozini oldini oladi va barqaror organogenezni ta’minlaydi. Seleksiya samaradorligi bevosita kartoshka genotipiga bog‘liqdir.

Kartoshka eksplantlarida novda hosil bo‘lishi (organogenez) uchun o‘simlik o‘sish regulyatorlarining nisbati hal qiluvchi ahamiyatga ega. Masalan: sitokininlar (BAP, zeatin) yuqori nisbatda bevosita novda regeneratsiyasini rag‘batlantiradi. Auksinlar (NAA, IAA) past konsentratsiyada kallus hosil bo‘lishi va hujayra differensiyalanishini taminlaydi. Optimallashtirilgan gormonal kombinatsiyalar in vitro sharoitida o‘stirish vaqtini qisqartirish va regeneratsiya chastotasini oshirish imkonini beradi.

Genom tahrirlangan liniyalar bilan ishlashda somaklonal variatsiyani kamaytirish uchun minimal stress sharoitlarini yaratish talab etiladi. Buning uchun bazal muhitda tuz konsentratsiyasini kamaytirish, antioksidantlar qo‘shish va uglevod manbalarini muvozanatlash tahrirlangan novdalarning fenotipik bir xilligini ta’minlaydi.

Xulosa qilib aytadigan bo‘lsak kartoshka regeneratsiyasi samaradorligi post-transformatsion muhitning gormonal va kimyoviy tarkibiga bevosita bog‘liq. Genotipga xos bo‘lgan ozuqa muhitlarini ishlab chiqish genetik muhandislik orqali olingan yangi navlarning hayotchanligini va genetik barqarorligini ta’minlashning asosiy omilidir.

AYRIM SANOAT KORXONALARI IFLOSLANGAN OQAVA SUVLARINING MICROBIOLOGIK VA SANITAR HOLATI

[1]Yaxyayeva M.A., [2]Bakayeva Sh.B., [1]Axmedova Z.R.

[1]O‘zR FA Mikrobiologiya Instituti;
[2]Buxoro Davlat pedagogika Instituti.
e-mail: akhmedovazr@mail.ru

To‘qimachailik sanoati suv resurslarini eng ko‘p iste’mol qiluvchi tarmoqlardan biri hisoblanadi. Ayniqsa, bo‘yash jarayonlarida sintetik bo‘yoqlarning 10–15% qismi to‘liq bog‘lanmay, rangli hamda toksik aromatik aminlar (1000-5000 mg/l) holatida oqava suvlarga tushadi. Amaliyotda murakkab aromatik tuzilishga ega sintetik dispers va kislotali bo‘yoqlar ishlatilib, ularning tarkibidagi ortiqcha tuzlar (NaCl, Na_2SO_4, Na_2CO_3), ishqor (NaOH) va kislotalar oqava suvlarga chiqarib yuboriladi. Shu bois, ularni samarali tozalash ekologik xavfsizlik nuqtai nazaridan dolzarb muammodir.

To‘qimachilik korxonalarining ifloslangan oqava suvlarining sanitariya-gigiyena ko‘rsatkichlarini aniqlashda mikrobiologik usullar yordamida namunalar 10^{-1} dan 10^{-6} darajagacha suyultirildi. Selektiv ozuqa muhitlari:MacConkey agar - gramm-manfiy (-) ichak bakteriyalari, EMB agar - laktoza-faol mikroorganizmlar, Cetrimide agar - *Pseudomonas aeruginosa*, Sabouraud agar - oqava suv tarkibidagi zamburug‘larni aniqlash va ajratish uchun ishlatildi. Mikroorganizmlar soni Goryayev kamerasi yordamida (CFU/ml yoki KO‘B/ml) hisoblandi Mikroskopik tahlillar Gram usulida bo‘yash va morfologik xususiyatlarni (tayoqchasimon, kokk, zanjirsimon) o‘rganish orqali olib borildi.

Biokimyoviy testlar yordamida katalaza, oksidaza hamda laktaza faolligi kabi sifat reaksiyalari aniqlandi. Zamonaviy ekspress identifikatsiya MALDI-TOF usulida bajarildi, shuningdek, suvlarning BKS (biologik kislorod sarfi), XKS (kimyoviy kislorod sarfi) va pH ko‘rsatkichlari aniqlandi.

Oqava suvlarning namunalarida:bakteriyalar: *Pseudomonas, Bacillus, Aeromonas, Enterobacter, Klebsiella, a*naerob bakteriyalar: *Clostridium,* zamburug‘lar: *Phanerochaete chrysosporium*, *Aspergillus*, *Penicillium, Candida,* aktinomitsetlar: *Streptomyces,* mikrosuvo‘tlar: *Chlorella* avlodi vakillari aniqlandi.

Pseudomonas, Bacillus, Aeromonas turlari yuqori dekolorizatsiya (rangsizlantirish) qobiliyatini ko`rsatdi. Ayrim shtammlar 48 soatda bo‘yoqlarni 90% gacha rangsizlantirishga etdi. *Ph. Chrysosporium* zamburug‘i aromatic moddalarni parchalash qobiliyatiga ega bo‘lib, murakkab aromatik birikmalarni oksidlaydi. *Chlorella vulgaris* mikrosuvo‘ti esa fotosintetik faoliyati orqali azot va fosfor birikmalarini o‘zlashtirib, suvni biologik tozalaydi.

Ajaratilgan mikroorganizmlar protein profiliga ko‘ra MALDI-TOF MS usulida identifikatsiyalandi. Azo-bo‘yoqlarning parchalanishi anaerob sharoitda -N=N- (azo) bog‘ining qaytarilishi va aromatik aminlarning gidrolizlanishi orqali kichadi. Ushbu jarayonda faol ishtirok etuvchi *Pseudomonas aeruginosa* va *Enterobacter cloacae* bakteriyalari aniqlandi. Identifikatsiya natijalariga ko‘ra, bo‘yoqli oqava suvlar tarkibida *A. niger* hamda *Ph. chrysosporium* dominant turlar ekanligi tasdiqlandi Shuningdek, *Ps. aeruginosa*, *B. subtilis*, *E. cloacae*, *A. hydrophila* va *Cl. perfringens* mikroorganizmlari muvaffaqiyatli ajratib olindi.

Azo-bo‘yoqlarning parchalanishi anaerob sharoitlarda kechadi. Ushbu jarayonda faol ishtirok etuvchi *Ps.aeruginosa* va *E. cloacae* bakteriyalari aniqlandi. Aerob sharoitda esa aromatik aminlar oksigenaza, peroksidaza va lakkaza fermentlari yordamida mineral moddalargacha (CO_2, H_2O) parchalanadi. Ushbu jarayonda *A. niger* va *B. subtilis* ishtirok etadi. Antraxinon bo‘yoqlari esa oksidlanish yo‘li bilan parchalanadi, bunda oksigenaza fermentlari aromatik halqalarni ochadi. Ajratilgan mikroorganizmlarning katalaza, oksidaza, laktaza faolligi hamda indol, sitrat va H_2S

hosil qilish qobiliyatlari aniqlandi. Oqava suv tarkida ayrim pathogen bakteriyalar mavjudligi qayd etildi.

Mikroorganizmlar to‘qimachilik sanoati oqava suvlarini samarali va ekologik xavfsiz tozalashda asosiy omil hisoblanadi. Ular bo‘yoqlarni biodegradatsiya va fermentativ tozalash orqali rangsizlantirish hamda zararsizlantirish imkonini beradi. Ayniqsa, bakteriya-zamburug‘ konsorsiumlari va integratsiyalashgan anaerob-aerob kultura tizimlari yuqori samaradorlikni ta’minlaydi. Olingan dastlabki natijalar ushbu texnologiyalarni sanoat miqyosida joriy etish orqali suv resurslarini muhofaza qilishda muhim ahamiyat kasb etadi.

Natijalarga ko‘ra, katalaza barcha aerob va ko‘pchilik fakultativ anaeroblarda aniqlanib, H_2O_2 ni parchalash xususiyatiga ega. Oksidaza testi elektron transport zanjirida sitoxrom *C* mavjudligini ko‘rsatadi, bu xususiyat asosan *Pseudomonas* va *Aeromonas* turlarida kuzatildi. Laktozaning fermentatsiyasi faqat *E. cloacae* tarkibida aniqlandi, qolgan aksariyat suv mikroorganizmlarida bu faollik kuzatilmadi.

O‘rganilgan mikroorganizmlar, ayniqsa yuqori oksidlovchi-qaytaruvchi, gidrolitik faollikga ega bakteriya va zamburuglar to‘qimachilik va boshqa sanoat oqava suvlarini effektiv va ekologik xavfsiz usullarda, yani biologik tozalash borasida eng asosiy agentlar bolib xizmat qiladi. Ular turli bo‘yoqlar, suv tarkibidagi tolalar va bosha chiqindilarni xam biodegradatsiyaga uchratish va fermentativ tozalashga olib keladi. Ayniqsa, Toshkent shahrining Solar, Bektemir suv tozalash stansiyalari, shaxardagi 300 dan ortiq to`qimachilik va boshqa korxonalarning oqava suvlarini ranqsizlantirish xamda qo`lansa xidlarni yo‘qotishda biologik tozalash usuliga zamin yaratadi.

UZUM (*VITIS VINIFERA* L.) REGENERATSIYASI VA GENETIK TRANSFORMATSIYASINI TAKOMILLASHTIRISHNING ZAMONAVIY YONDASHUVLARI

Yusupov H.N., Abdullaev A.N., Eshmurzayev J.B., Babadjanova F.I., Abdullayev S.A., Ubaydullaeva X.A.

O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genomika va bioinformatika markazi.
e-mail: humoyun.yusupov10@gmail.com

Uzum (*Vitis vinifera* L.) dunyo miqyosida iqtisodiy jihatdan muhim bo‘lgan bog‘dorchilik ekinlaridan biri hisoblanadi. So‘nggi yillarda global iqlim o‘zgarishi, ekologik omillarning keskinlashuvi va iste’molchilar talablarining ortib borishi uzum navlarini genetik jihatdan takomillashtirish zaruratini yanada kuchaytirdi. Shu nuqtai nazardan, o‘simlik biotexnologiyasi, xususan regeneratsiya va genetik transformatsiya texnologiyalari uzum seleksiyasida muhim ahamiyat kasb etmoqda.

An’anaviy seleksiya usullari uzoq vaqt talab qilishi, shuningdek uzum genomining geterozigota tabiati sababli kutilgan natijalarni tezkor olish imkonini bermaydi. Shu sababli genetik transformatsiya orqali maqsadli genlarni kiritish yoki o‘zgartirish yangi navlar yaratishda samarali alternativ yondashuv sifatida qaralmoqda. Biroq genetik transformatsiyaning muvaffaqiyati ko‘p jihatdan o‘simlikning samarali regeneratsiya tizimiga bog‘liq bo‘lib, bu jarayon hali ham murakkab va ko‘plab omillarga sezgir hisoblanadi.

Uzum regeneratsiyasi asosan ikki yo‘nalishda — organogenez va somatik embriogenez orqali amalga oshiriladi. Regeneratsiya jarayoniga ta’sir qiluvchi asosiy omillar qatoriga genotip, eksplant manbai va ozuqa muhiti tarkibi kiradi. Turli uzum navlari regeneratsiya qobiliyati bo‘yicha sezilarli farqlarga ega bo‘lib, ayrim payvandtaglar yuqori regenerativ salohiyatni namoyon etadi. Eksplant manbai hamda eksplantning rivojlanish bosqichi ham embriogenez samaradorligini

belgilovchi muhim omil hisoblanadi.

Ozuqa muhitining tarkibi regeneratsiya jarayonida hal qiluvchi rol o‘ynaydi. Amaliyotda Murashige va Skoog (MS) hamda Nitsch va Nitsch (NN) ozuqa muhitlari eng keng qo‘llaniladi. Ozuqa muhitidagi uglevodlar, mineral elementlar va o‘sish regulyatorlarining muvozanati kallus hosil bo‘lishi, embrion differentsiatsiyasi va o‘simlik regeneratsiyasiga bevosita ta’sir ko‘rsatadi.

Uzum genetik transformatsiyasida asosan ikki asosiy usul — biolistik bombardimon qilish va Agrobacterium vositasida transformatsiya usullari qo‘llaniladi. Agrobacterium tumefaciens vositasida transformatsiya esa yuqori samaradorligi va barqaror natijalari tufayli keng qo‘llanilmoqda. Ushbu usul orqali T-DNK o‘simlik genomiga integratsiyalanib, kerakli genlarning ekspressiyasi ta’minlanadi.

Shu bilan birga, regeneratsiya va transformatsiya samaradorligiga ta’sir qiluvchi qo‘shimcha omillar, jumladan inkubatsiya sharoitlari, yorug‘lik rejimi, pH darajasi va qo‘shimcha moddalar (faollashtirilgan ko‘mir, aminokislotalar) ham muhim rol o‘ynaydi. Ushbu omillarni kompleks tarzda optimallashtirish yuqori samarali regeneratsiya va transformatsiya tizimlarini yaratish imkonini beradi.

Xulosa qilib aytganda, uzum regeneratsiyasi va genetik transformatsiyasi sohasida sezilarli yutuqlarga erishilgan bo‘lsa-da, ushbu jarayonlar hali ham genotipga bog‘liq murakkab tizim bo‘lib qolmoqda. Kelgusida somatik embriogenez tizimlarini takomillashtirish, regeneratsiya samaradorligini oshirish va zamonaviy genom tahrirlash texnologiyalarini integratsiya qilish orqali uzum seleksiyasida yuqori samaradorlikka erishish mumkin. Bu esa ekologik barqaror, yuqori hosildor va stress omillariga chidamli yangi uzum navlarini yaratishda muhim ahamiyat kasb etadi.

GMO MAHSULOTLARINING ALLERGENLIK XUSUSIYATLARINI BAHOLASH USULLARI

Sobirjonov M.I., Sultonov D.Sh., Norbekov J.K.

O‘zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Genomika va bioinformatika markazi.
e-mail: sobirjonovmahmud2@gmail.com

Genetik modifikatsiyalangan (GM) oziq-ovqat mahsulotlarini bioxavfsizlik nuqtai nazaridan baholashda allergenlikni aniqlash muhim bosqichlardan biri hisoblanadi. GM natijasida o‘simlik tarkibida yangi oqsillar hosil bo‘lishi yoki mavjud allergenlarning miqdori o‘zgarishi mumkin. Shu sababli har bir yangi GM mahsulot iste’molga tavsiya etilishidan oldin uning allergenlik darajasi ilmiy asosda baholanadi.

Allergenlikni baholashda yagona universal usul mavjud emas. Shu bois, baholash jarayonida bir nechta ilmiy yondashuvlardan birgalikda foydalaniladi. Dastlab transgen uchun olingan genning manbasi o‘rganilib, donor organizm allergen hisoblanadimi yoki yo‘qligi aniqlanadi. Agar donor organizm allergen bo‘lsa, hosil qilingan mahsulot yanada chuqurroq tekshiruvlardan o‘tkaziladi.

Keyingi bosqichda yangi hosil bo‘lgan oqsilning aminokislotalar ketma-ketligi xalqaro ma’lumotlar bazalarida mavjud allergen oqsillar bilan taqqoslanadi. Bundan tashqari, oqsilning oshqozon-ichak fermentlari ta’sirida parchalanish xususiyatlari ham o‘rganiladi. Ushbu tahlillar oqsilning allergenlik ehtimolini dastlabki bosqichda baholash imkonini beradi.

Dastlabki tekshiruvlardan so‘ng, zarurat tug‘ilganda immunologik usullar qo‘llaniladi. Jumladan, radioallergosorbent testi va immunoferment tahlil yordamida yangi oqsilning allergik reaksiyalar chaqirish ehtimoli aniqlanadi. Ayrim hollarda qo‘shimcha ravishda hayvon modellarida yoki klinik sharoitlarda in vivo tadqiqotlar ham o‘tkazilishi mumkin. Bunday kompleks tekshiruvlar

mahsulotning allergenlik darajasi haqida ishonchli ilmiy xulosa chiqarishga xizmat qiladi.

Bugungi kunda xalqaro tashkilotlar tomonidan ishlab chiqilgan baholash tizimlari keng qo‘llanilmoqda. Olib borilgan tadqiqotlar natijalariga ko‘ra, bioxavfsizlik talablari asosida tekshirilib, amaliyotga ruxsat etilgan GMO mahsulotlarida an’anaviy mahsulotlarga nisbatan yuqori allergenlik xavfi aniqlanmagan. Shu sababli allergenlikni kompleks baholash GMO mahsulotlarining xavfsizligini ta’minlashda muhim ilmiy bosqichlardan biri hisoblanadi.

ШЎР СТРЕСС ШАРОИТИДА БИОСТИМУЛЯТОРЛАР ТАЪСИРИДА ҒЎЗАНИНГ МОРФОЛОГИК ПАРАМЕТРЛАРИНИНГ ЎЗГАРИШИНИ БАҲОЛАШ

Камбурова В.С., Рахматова Н.Р., Салахутдинов И.Б., Ражапов Ф.С., Мирзабаев Д.А., Тожибоева Д.И., Назарова Е.Ф.

Ўзбекистон Республикаси Фанлар академияси Геномика ва биоинформатика маркази.
e-mail: rakhmatova_nodira@mail.ru

Мазкур тадқиқотда тузли стресс (150 мМ NaCl) шароитида ғўза (*Gossypium hirsutum* L.) генотипларининг ниш ўсимликларининг эрта морфофизиологик кўрсаткичларига биопрепаратларнинг таъсири ўрганилди. Тадқиқот объекти сифатида икки ғўза генотипи (Ишонч ва Порлок-1) ҳамда биопрепаратлар (Ризоком-1, Микрозим-1 ва Ҳосил) танланди. Уруғларнинг униб чиқиш вақти ва энергияси, илдиз узунлиги ҳамда поя узунлиги турли ишлов вариантларида баҳоланди. Олинган натижалар тузли стресс барча ўрганилган морфофизиологик кўрсаткичларни сезиларли даражада сусайтиришини кўрсатди, бироқ жавоб даражаси генотип ва қўлланилган биопрепаратга боғлиқ равишда ўзгарди. Энг юқори стрессга чидамлилик

Порлок-1 генотипида кузатилди, Ишонч генотипи эса юқори сезгирлик намоён қилди.

Статистик таҳлил (ANOVA, Tukey HSD) биопрепаратларнинг барча белгиларга ишончли таъсир кўрсатишини, айниқса стресс шароитида, тасдиқлади. Биопрепаратлар уруғ униб чиқиш вақтини қисқартириш, униб чиқиш энергиясини ошириш ва илдиз ўсишини рағбатлантиришда энг самарали таъсир кўрсатди. Корреляцион таҳлил, PCA, кластер таҳлил, радиал диаграммалар, MGIDI ва volcano таҳлиллар биопрепаратлар стресс фенотипини комплекс равишда юмшатишини ва ўсимликларни идеотипга яқин ҳолатга келтиришини кўрсатди. Энг юқори барқарор самарадорлик Ризоком-1 препаратида кузатилди, шунингдек Микрозим-1 ва Серхосил препаратлари ҳам сезиларли биостимулятор таъсир кўрсатди. Олинган натижалар биопрепаратлар ғўзада тузли стресснинг эрта морфофизиологик жавобини самарали модификация қилиши ва генетик жиҳатдан белгиланган чидамлиликни кучайтириши мумкинлигини кўрсатади. Тадқиқот натижалари биопрепарат таъсирида ўсимликларда идеал моделга хос морфологик ва физиологик хусусиятлар шаклланганини кўрсатди.

ШЎРЛАНИШ СТРЕССИ ТАЪСИРИДА *Atriplex micrantha* МИКРОНИҲОЛЛАРИДА АМИНОКИСЛОТАЛАР БИОСИНТЕЗИ

[1]Аманова Г.И., [1]Зиявитдинов Ж.Ф., [1]Ишимов У.Ж., [1]Олимжонов Ш.С., [2]Тўлибаева Х.Э.

[1]ЎзР ФА академик О.С.Содиқов номидаги Биоорганик кимё институти;
[2]Тошкент кимё технология институти.
e-mail: guzal.amanova.87@mail.ru

Сўнгги йилларда шўрланган ва қурғоқчил ҳудудларда тарқалган *Atriplex* L. туркуми вакиллари юқори ем-хашак қиймати, мелиоратив салоҳияти ҳамда экстремал муҳит шароитларига мослашувчанлиги билан

ажралиб турувчи истиқболли галофит ўсимликлар сифатида кенг ўрганилмоқда.

Мазкур тадқиқотда *Atriplex micrantha* C. A. Меу. микрониҳолларини турли туз концентрациялари таъсиридаги морфо-биологик ўзгаришлари ҳамда эркин аминокислоталар биосинтези таҳлил қилинди. Тадқиқот объекти сифатида Орол денгизининг қуриган тубидан (2025 йил, октябрь) йиғилган *A. micrantha* туридан фойдланилди. Ушбу турни *in vitro* шароитида турли концентрациядаги NaCl (50, 100, 200, 300, 400 ва 500 mM) қўшилган озуқа муҳитларига экиш орқали тажрибалар амалга оширилди. Экспалант сифатида (МС озуқа муҳитида етиштирилган) *A. micrantha* уруғларидан униб чиққан илк ниҳолларининг учки апикал меристема тўқимали қисми қаламчаланди ва NaCL нинг турли концентрацияли озуқа муҳитларига кўчириб ўтказилди.

Шўрли муҳитларда ўстирилган 30 кунлик микрониҳолларнинг ўсиш кўрсаткичлари NaCl концентрациясига боғлиқ ҳолда ўзгариши кузатилди. Назорат вариантида илдиз ва новда узунлиги мос равишда 5,36 ± 0,57 см ва 3,43 ± 0,49 см ни ташкил этди. 50 mM NaCl қўшилган муҳитда илдиз узунлиги 8,30 ± 0,92 см, новда узунлиги эса 7,76 ± 0,57 см бўлиб, назоратга нисбатан ўсишнинг фаоллашганлиги қайд этилди. Энг юқори ўсиш кўрсаткичлари 100 mM концентрацияда аниқланиб, илдиз узунлиги 10,83 ± 0,90 см, новда узунлиги эса 9,33 ± 0,52 см ни ташкил этди. NaCl концентрацияси 200 ва 300 mM гача оширилганда микрониҳолларнинг ўсиш суръати пасайди. Хусусан, 200 mM да илдиз ва новда узунлиги мос равишда 7,33 ± 0,66 см ва 5,63 ± 0,86 см, 300 mM да эса 6,73 ± 0,54 см ва 4,96 ± 0,44 см ни ташкил қилди. 400 ва 500 mM концентрацияларда ўсиш жараёнлари сезиларли даражада ингибирланди. 400 mM да илдиз ва новда узунлиги мос равишда 3,66 ± 0,38 см ва 2,96 ± 0,17 см бўлган бўлса, 500 mM да илдиз узунлиги 1,26 ± 0,33 см гача камайди, новда узунлиги эса 2,60 ± 0,29 см ни

ташкил этди. Шундай қилиб, *A. micrantha* микрониҳолларининг ўсиши учун 100 mM NaCl энг мақбул концентрация эканлигини, 200 mM дан бошлаб ўсиш кўрсаткичлари пасайишини ва 400-500 mM NaCl шароитида шўрланиш стрессининг ўсиш жараёнларига кучли ингибирловчи таъсир кўрсатишини намоён қилди.

Эркин аминокислоталар таркиби ва миқдори, ФТК ҳосилаларида Steven A. ва Cohen Daviel (1988) усули асосида аниқланди. Намуналардаги аминокислоталарни идентификация қилишда стандарт намуналардаги аминокислоталарнинг колонкадан чиқиш вақтларидан, миқдорий таҳлилда эса хроматограммадаги тегишли чўққилар юзасидан фойдаланилди. Тадқиқот натижаларига кўра, назорат варианти сифатида олинган *A. micrantha* ўсимлигининг МС муҳитида эркин пролин миқдори 0,43 мг/г ни ташкил этди. NaCl концентрацияси 400 ва 500 mM бўлган шароитларда эса пролин миқдори мос равишда 0,70 ва 0,78 мг/г гача ошгани аниқланди. Шунингдек, NaCl таъсирида триптофан миқдори 1,46-1,50 мг/г оралиғида қайд этилди. Бу эса ушбу аминокислоталарнинг шўрланиш стрессига жавоб реакцияси сифатида баҳоланди. Умуман олганда, шўрланиш даражаси ошган сари аминокислоталар тўпланиши кучайиши ва бу жараён эксплант турига боғлиқ равишда турлича намоён бўлиши аниқланди. Олинган натижалар ўсимликларнинг шўрланишга чидамлилигини баҳолаш ва биотехнологик тадқиқотларда самарали фойдаланиш учун муҳим илмий асос бўлиб хизмат қилади.

Тажрибалар Биоорганик кимё институти Ўсимликлар ҳужайра технологияси лабораториясининг “Chenopodiaceae оиласи ўсимликларининг кучли шўрланиш шароитига мослашишининг молекуляр механизмларини кичик стресс генлар, метаболом ва протеом даражасида баҳолаш” мавзусидаги фундаментал тадқиқотлари доирасида, давлат бюджети маблағлари ҳисобидан бажарилган.

ANACANTHOTERMES TURKESTANICUS TERMITINING ICHAK VA TANA MIKOBIOTASINING KULTIVATSIYA QILINADIGAN ZAMBURUG'LARINI AJRATIB OLISH VA TAVSIFLASH

[1]Utaganov M.U., [2]Zakiryayeva S.I., [1]Xolmatov B.R.

[1]O'zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Zoologiya instituti;
[2]O'zbekiston Respublikasi Fanlar Akademiyasi Mikrobiologiya instituti.
muslimotaganov78@gmail.com

Termitlar lignosellyulozali o‘simlik qoldiqlarini parchalashda muhim ekologik ahamiyatga ega bo‘lib, bu jarayonda ularning ichak mikrobiotasi, jumladan zamburug‘lar muhim rol o‘ynaydi. Zamburug‘lar sellyuloza va boshqa murakkab organik birikmalarni parchalaydigan fermentlarni sintez qilishi bilan ajralib turadi hamda biotexnologik jihatdan istiqbolli mikroorganizmlar hisoblanadi. Biroq *Anacanthotermes turkestanicus* termitining ichak va tana mikobiotasi, ayniqsa O‘zbekiston sharoitida, hali yetarli darajada o‘rganilmagan. Shu sababli ushbu termit bilan bog‘liq zamburug‘larni ajratib olish va ularning dastlabki tavsifini o‘rganish ilmiy va amaliy ahamiyatga ega.

Shu nuqtai nazardan, tadqiqotning maqsadi *Anacanthotermes turkestanicus* termitining ichak va tana qismlarida uchraydigan kultivatsiya qilinadigan zamburug'larning xilma-xilligini mikrobiologik usullar asosida aniqlash, sof izolyatlarni ajratib olish va ularni morfologik xususiyatlari bo'yicha tavsiflash.

Tadqiqot ob’ekti sifatida Buxoro viloyati Qorovulbozor tumanidan yig‘ilgan *Anacanthotermes turkestanicus* termitlari olindi. Namunalar 10 tadan uchga ajratildi: birinchisi termitlarning ichak qismi 0,9% li NaCl fiziologik eritmasiga, ikkinchisi butun termitlar 0,9% li NaCl eritmasiga, uchinchisi esa ichak qismi 0,05 M sistein qo‘shilgan fosfat-bufer eritmasiga solindi. Namunalar mos ravishda 1:100 va 1:10 nisbatlarda suyultirilib, Chapeka, Getchison hamda Omelyanskiy agarli ozuqa muhitlariga ekildi va 28°C haroratda 20 kun davomida inkubatsiya qilindi. Olib borilgan mikrobiologik tahlillar shuni ko‘rsatdiki, *Anacanthotermes*

turkestanicus termitining ichak va tana qismlarida zamburug‘lar mavjud bo‘lib, ularning soni namuna turi va qo‘llanilgan ozuqa muhitiga bog‘liq ravishda farq qildi. Chapeka agarli ozuqa muhitida termit ichagida 1×10^2 KHB/termit, termit tanasida esa 9×10^2 KHB/termit zamburug‘lar borligi aniqlandi. Getchison agarli ozuqa muhitida mos ravishda 3×10^2 va 9×10^2 KHB/termit, Omelyanskiy agarli ozuqa muhitida esa sistein qo‘shilgan fosfat-bufer eritmasidagi ichak namunasidan 3×10^2 KHB/termit zamburug‘lar borligi qayd etildi. Shunday qilib uchta namunadan jami 11 ta sof zamburug‘ izolyati ajratib olinib, shundan 9 tasi Getchison, 2 tasi Omelyanskiy ozuqa muhitlaridan ajratildi. Barcha izolyatlar kartoshka-dekstrozali agar (KDA) ozuqa muhitida qayta ekilib, sof kultura holiga keltirildi. Tadqiqotning keyingi bosqichida ajratilgan zamburug’ izolyatlarining morfologik identifikatsiyasi amalga oshirildi. Chapeka agarli ozuqa muhitida termit ichagida *Mucor va Penicillium* turkumlariga mansub zamburug’ turlari uchragan bo’lsa, termit tanasida *Aspergillus* va *Mucor* turkumlariga mansub zamburug’lar uchradi. Getchison agarli ozuqa muhitida termit tanasida asosan *Aspergillus* turkumiga mansub zamburug’lar uchraganligi aniqlandi. Omelyanskiy agarli ozuqa muhitida *Penicillium* turkumiga mansub zamburug’ turlari uchradi.

Shunday qilib, olib borilgan mikrobiologik tadqiqotlar natijasida *Anacanthotermes turkestanicus* termitining ichak va tana qismlaridan zamburug'larning kultivatsiya qilinadigan mikobiotasi ilk bor o'rganildi. Natijada turli selektiv ozuqa muhitlarida jami 11 ta sof zamburug' izolyati ajratib olinib, ular morfologik belgilariga ko'ra *Aspergillus*, *Penicillium* va *Mucor* turkumlariga mansubligi aniqlandi. Olingan natijalar termitlar mikrobiotasining xilma-xilligini tavsiflash hamda sellyuloza va boshqa murakkab organik birikmalarni parchalovchi istiqbolli zamburug' shtammlarini izlash uchun muhim ilmiy asos yaratadi. Kelgusida ajratilgan izolyatlarning molekulyar identifikatsiyasi va fermentativ faolligini baholash ularning biotexnologik salohiyatini aniqlash imkonini beradi.

БИОЛОГИЧЕСКИЕ ОСОБЕННОСТИ И ТЕХНОЛОГИЯ МИКРОКЛОНАЛЬНОГО РАЗМНОЖЕНИЯ ГАЛОФИТА *ATRIPLEX UNDULATA*.

[1]Алланазарова Л.П., [1]Матчанова Д.Ш., [2]Холбекова Х.У.

[1]Ташкентский химико-технологический институт;
[2]Институт Биоорганической химии имени академика А.С.Садыкова АНРУз.
e-mail: m_durdona@mail.ru

Atriplex undulata представляет собой многолетний кустарник, приспособленный к произрастанию в аридных и семиаридных условиях. Стебли растения восходящие или распростёртые, ветвистые, высотой от 30 до 100 см, одревесневающие у основания; молодые побеги часто имеют серебристо-серый оттенок из-за наличия чешуек или мучнистого налёта, характерного для рода *Atriplex*. Листья очередные, сидячие или на коротких черешках, с волнистым (отсюда видовое название *undulata*) краем, линейно-ланцетной или продолговатой формы, длиной 1–4 см и шириной 0,3–1 см; листовые пластинки покрыты специализированными солевыделительными желёзками, позволяющими растению выводить избыток солей. Цветки однополые, мелкие, собраны в колосовидные или метельчатые соцветия в пазухах верхних листьев; мужские цветки имеют пятичленный околоцветник и пять тычинок, женские цветки лишены околоцветника и окружены двумя прицветниками (брактеолами), которые при плодах разрастаются и могут иметь крыловидные придатки. Плод - орешковидная утрикулуа диаметром около 2 мм, заключённая в сросшиеся брактеолы; семена овальные, чёрные или тёмно-коричневые, с твёрдой семенной кожурой

Фенологически вид характеризуется цветением в период с ноября по март в южном полушарии (май–сентябрь в северном), плоды созревают в конце весны – начале лета; семенам необходим физиологический покой,

который может сниматься под воздействием низких температур, скарификации или удаления брактеол. Цитологически вид, является диплоидом с хромосомным числом 2n=18, однако детальные кариологические исследования для *A. undulata* ограничены.

Исследуемый материал собран на засоленных почвах Джиззахской области (Узбекистан). Культивирование эксплантов осуществлялось в контролируемых условиях климокамеры. Температурный режим поддерживался на уровне 25±2°C. Фотопериод составлял 18 часов света и 6 часов темноты. Интенсивность освещения регулировалась на уровне 50 мкмоль·м$^{-2}$·с$^{-1}$ фотосинтетически активной радиации (ФАР), что обеспечивает оптимальный фотосинтетический аппарат для регенерантов.

Для этапов инициации роста и микроклональной мультипликации побегов применялась модифицированная питательная среда Мурасиге и Скуга (MS) с половинной концентрацией макроэлементов (1/2 MS). Базовый состав среды был оптимизирован следующими компонентами: - сахароза (3%);- агар (0,7%); - миоинозитол (100 мг/л) для стабилизации клеточных мембран, гидролизат казеина (100 мг/л), как источник органического азота, аденин для стимуляции клеточного деления; - цитокинин кинетин, способствующий активации пазушных почек и пролиферации побегов.

На этапе ризогенеза проводилась сравнительная оценка эффективности различных вариантов питательных сред. Тестировались среды, не содержащие экзогенные регуляторы роста, а также среды с добавлением ауксина индолил-3-масляной кислоты (ИБК) в концентрациях 0,49 мкМ и 2,45 мкМ для индукции формирования адвентивных корней.

Для количественной оценки уровня солеустойчивости культивируемых тканей и отбора толерантных форм в питательную среду вводили хлорид натрия (NaCl). Концентрации соли варьировались в широком градиенте от 25

до 1000 мМ. Данный подход позволил моделировать различные степени осмотического стресса и выявить критические пороги выживаемости эксплантов *Atriplex undulata* в условиях in vitro.

СОЛЕУСТОЙЧИВЫЕ РИЗОСФЕРНЫЕ БАКТЕРИИ ПШЕНИЦЫ НА ЗАСОЛЕННЫХ ПОЧВАХ КАРАКАЛПАКСТАНА

Гузалова А. Г.

ООО «Anguzal Agroservis», Республика Узбекистан.
e-mail: anguzal@mail.ru

Засоление орошаемых земель Каракалпакстана снижает урожайность сельскохозяйственных культур и обедняет полезную ризосферную микробиоту. В связи с этим актуален поиск ассоциативных бактерий, устойчивых к повышенной минерализации среды.

Цель работы — изучить состав микроорганизмов ризосферы пшеницы на среднезасоленной почве Муйнакского района и отобрать устойчивые к NaCl изоляты. Общее содержание солей в почве составляло 1,728 мг-экв/100 г, pH водной вытяжки — 9,12. Микроорганизмы учитывали на селективных средах, солеустойчивость оценивали при 10–50 г/л NaCl. Энергию прорастания и всхожесть семян определяли в растворах 0,3–2,4 % NaCl.

В ризосфере выявлено обеднение основных физиологических групп микроорганизмов. Численность аммонификаторов составила $5{,}0\times10^3$ КОЕ/г, споровых бактерий — $1{,}0\times10^3$, азотфиксаторов — $4{,}0\times10^4$, микроскопических грибов — $9{,}0\times10^3$ КОЕ/г; олигонитрофилы отсутствовали. Выделены бактерии родов Pseudomonas, Bacillus и Methylovorus, а также грибы Fusarium, Botrytis и Alternaria.

Bacillus spp. N37 и Pseudomonas spp. N44 сохраняли рост при содержании NaCl до 40 г/л, Methylovorus spp. N21 — до 50 г/л. Наиболее солеустойчивым оказался штамм Methylovorus spp. N21.

С увеличением концентрации NaCl энергия прорастания и всхожесть семян резко снижались. В контроле показатели составляли 98 и 100 %, при 0,3 % NaCl — 75,4 и 69,2 %, при 0,9 % — 1,5 и 1,2 %. Начиная с 1,2 % NaCl прорастание отсутствовало. Поражение плесневыми грибами возрастало с 15,2 % в контроле до 71,6 % при 0,9 % NaCl.

Таким образом, засоление почв Муйнакского района сопровождается сокращением численности и разнообразия полезной ризосферной микробиоты, тогда как фитопатогенные грибы сохраняют устойчивость. Штамм Methylovorus spp. N21 представляет интерес для дальнейшего изучения.

БИОЛОГИЧЕСКИЕ МЕТОДЫ РЕКУЛЬТИВАЦИИ ЗАСОЛЁННЫХ ПОЧВ

[1]Гузалова А.Г., [1]Новичкова[2] А.А., [2]Новичкова А.А., [1]Замалетдинов М.Р.

[1]ООО «Anguzal Agroservis». Республика Узбекистан;
[2] Ташкентский химико-технологический институт.
e-mail: anguzal@mail.ru

Засоление почв является одной из ключевых экологических и агроэкономических проблем аридных и полуаридных регионов. Накопление легкорастворимых солей ухудшает водопроницаемость, структуру и биологическую активность почвы, ограничивает рост растений и снижает продуктивность сельскохозяйственных угодий. Традиционные способы мелиорации требуют значительных затрат, поэтому особую актуальность

приобретают биологические методы, основанные на применении растений и почвенных микроорганизмов.

Цель работы – оценить возможности биологических методов рекультивации засолённых почв и определить их роль в восстановлении плодородия. Рассмотрены фиторемедиация с использованием галофитов, внесение почвенных микроорганизмов и их совместное применение. Галофитные растения способны развиваться при повышенной минерализации, поглощать и стабилизировать соли, улучшать аэрацию и водопроницаемость почвы. Ризосферные и азотфиксирующие бактерии активизируют микробиологические процессы, улучшают питание растений и повышают их устойчивость к солевому стрессу.

Исследования проводили на участке с засолённой почвой в аридных условиях. Были заложены контрольный вариант без обработки, варианты с высевом галофитов, внесением почвенных микроорганизмов и их комбинированным применением. До начала опыта и в течение вегетационного периода определяли электропроводность почвенной вытяжки, pH, биологическую активность и биомассу растений. Эффективность оценивали по снижению засолённости и улучшению показателей состояния почвы.

В контрольном варианте электропроводность снизилась с 8,4 до 8,1 дС/м, что соответствовало уменьшению засолённости на 3,6 %. При высеве галофитов показатель снизился с 8,5 до 6,7 дС/м, а степень снижения составила 21,2 %. Внесение микроорганизмов обеспечило уменьшение электропроводности с 8,3 до 6,9 дС/м и снижение засолённости на 16,9 %. Наиболее выраженный эффект получен при совместном применении галофитов и микроорганизмов: электропроводность снизилась с 8,4 до 5,8 дС/м, а засолённость — на 31,0 %.

Комбинированный вариант также характеризовался наибольшей биомассой растений — 510 г/м² против 280 г/м² в контроле. После опыта pH почвы в этом варианте составил 8,14, тогда как в контроле — 8,30. Полученные результаты показывают, что совместное применение солеустойчивых растений и ассоциированных микроорганизмов обеспечивает более выраженное улучшение почвенных условий, чем их раздельное использование.

Таким образом, биологическая рекультивация является экологически обоснованным направлением восстановления засолённых земель. Сочетание галофитов и полезных почвенных микроорганизмов способствует снижению концентрации солей, активизации биологических процессов, улучшению структуры почвы и увеличению растительной биомассы. Комплексный подход перспективен для устойчивого сельского хозяйства и требует дальнейшей апробации в различных почвенно-климатических условиях.

УСТОЙЧИВОСТЬ И СОХРАНЕНИЕ РЕДКИХ ВИДОВ РОДА *OXYTROPIS* DC. С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ БИОТЕХНОЛОГИЧЕСКИХ ПОДХОДОВ *IN VITRO*

Жамалова Д.Н., Хайдарова Н.Н., Курбаниязова Г.Т.

Институт ботаники Академии наук Республики Узбекистан
e-mail: dilafruz.bel.91@mail.ru

Настоящее исследование посвящено разработке протоколов in vitro размножения представителей рода *Oxytropis* DC. семейства Fabaceae. Род включает около 310 видов, распространённых преимущественно в Центральной и Восточной Азии. На территории Узбекистана выявлено около 63 видов *Oxytropis*, среди которых 8 являются эндемиками и 6 занесены в Красную книгу Республики Узбекистан.

В связи с высокой природоохранной ценностью представителей рода *Oxytropis* были проведены исследования по введению ряда видов (*O. scheludjakovae, O. erecta, O. pilosa, O. chankaensis, O. gmelinii, O. uralensis, O. ambigua, O. glabra*) в культуру *in vitro*. Основное внимание в этих работах уделялось изучению прорастания семян и процессов морфогенеза на питательной среде Мурасиге и Скуга (МС).

Анализ литературных данных показал, что ключевым фактором успешного введения видов *Oxytropis* в культуру *in vitro* является преодоление физического покоя семян. Плотная водонепроницаемая семенная оболочка требует предварительной обработки перед стерилизацией и культивированием. Наиболее эффективным методом оказалась химическая скарификация концентрированной серной кислотой, обеспечивающая высокую всхожесть семян. Так, у *O. chankaensis* после химической скарификации всхожесть достигала 93 %, тогда как механическая скарификация, стратификация и температурная обработка были менее эффективными.

Сходные результаты были получены для *O. scheludjakovae, O. erecta* и *O. pilosa*, где обработка серной кислотой значительно повышала показатели прорастания. Для видов *O. gmelinii, O. uralensis* и *O. ambigua* также отмечалась высокая всхожесть семян, однако методы предпосевной обработки в литературе описаны недостаточно подробно.

Исследования по микроклональному размножению *Oxytropis* показали важную роль фитогормонального состава питательной среды. Для различных видов оптимальными являлись комбинации ауксинов и цитокининов. У *O. pilosa* высокая эффективность регенерации была отмечена на среде МС с добавлением ИМК (IBA), а для *O. gmelinii, O. uralensis* и *O. ambigua*

оптимальным для побегообразования оказался вариант МС с БАП, а для укоренения – среда с ИУК.

Наиболее подробно процессы морфогенеза изучены у *O. glabra*, где различные комбинации ТДЗ, БАП и НУК обеспечивали высокую частоту регенерации побегов. Оптимальные условия позволяли получать большое количество побегов и эффективно стимулировали укоренение. Гистологический анализ подтвердил прохождение регенерации через стадию каллусообразования и последующего формирования адвентивных побегов.

Несмотря на значительное видовое разнообразие рода *Oxytropis* в Узбекистане и наличие редких эндемичных представителей, уровень их изученности остаётся недостаточным. Разработка эффективных протоколов in vitro является перспективным направлением для сохранения генетических ресурсов и дальнейшего изучения ценных видов данного рода.

СИНТЕЗ НАНОЧАСТИЦ СЕРЕБРА МИКРООРГАНИЗМАМИ-ДЕСТРУКТОРАМИ ПЕСТИЦИДОВ

Зайнитдинова Л.И., Жураева Р.Н., Лазутин Н.А., Хегай Т.Б., Ташпулатов Ж.Ж.

Институт микробиологии АН РУз.
e-mail: zajn-lyudmila@yandex.ru

Основную роль в деструкции загрязнителей в окружающей среде играет аборигенное сообщество микроорганизмов. В ответ на вредное воздействие происходит сукцессия микроорганизмов, что является причиной увеличения численности групп микроорганизмов, имеющих повышенный восстановительный потенциал и способных к разрушению токсикантов наносящих вред экосистемам. Общая метаболическая активность такого

сообщества должна быть связана со степенью антропогенной нагрузки на экосистему и характеризует способность микроорганизмов приводить в активное состояние механизмы восстановления. Исходя из этого, правомерно ожидать, что обитающие в таких условиях микроорганизмы помимо деструктивной активности должны обладать способностью к биосинтезу наночастиц серебра, что характеризует их метаболическую активность.

В данном исследовании из участков, загрязненных пендиметалином выделены микроорганизмы, устойчивые к нему и активно синтезирующие наночастицы серебра. С целью дальнейшего изучение влияния различных факторов на биосинтетическую активность выбранных изолятов были получены чистые культуры, которые были охарактеризованы и идентифицированы с использованием молекулярно-генетических исследований по анализу 16S рРНК. Показано, что характер образуемых наночастиц существенно различается и в большой степени зависит от условий роста, присутствия загрязнителей в среде и активности метаболизма микроорганизмов.

Установлено, что пендиметалин выступает в роли метаболического индуктора, усиливающего как стадию нуклеации (образование кластеров Ag_n^0), так и последующий рост наночастиц серебра штаммом *Bacillus pumilus* R25. Это подтверждает синергетическое взаимодействие между микробным метаболизмом и ксенобиотическим стрессом, определяющее кинетику и морфологию формирующихся наноструктур.

Исследование УФ спектров штаммов устойчивых к пендиметалину показало, что штамм *Bacillus pumilus R25 проявивший биосинтетическую активность,* формирует относительно компактные, преимущественно сферические наночастицы серебра. Спектр образца *Bacillus pumilus R25*

характеризуется ярко выраженным максимумом около 400 нм, что является типичным LSPR-пиком сферических Ag-наночастиц размером порядка 10–40 нм. Наличие плеч в области 360, 430 и 460 нм указывает на умеренную полидисперсность частиц, а также на присутствие агрегированных или анизотропных наноструктур. Ширина плазмонного пика свидетельствует о неоднородности размеров и возможной частичной агрегации, что ожидаемо для биологического синтеза без жесткого контроля стабилизации.

Показано, что штамм *Bacillus pumilus* R25 проявляет высокую адаптивную устойчивость к гербициду и при концентрациях гербицида 2–3 мг/л наблюдается эффект стимуляции роста в первые 48 часов. Тогда, как при 5 мг/л пендиметалина наблюдается выраженное угнетение метаболизма и гибель клеток после 3-х суток культивирования. Штамм *Bacillus pumilus* R25 сохраняет способность к синтезу наночастиц серебра в присутствии гербицида (3 мг/л), что свидетельствует о протекании процессов биоредукции на фоне химического стресса. При этом, для получения максимального выхода наночастиц оптимальным является внесение серебра на 3 сутки роста культуры при концентрации гербицида не выше 3 мг/л, так как в этот период биомасса достигает своего пика OD=0,342.

Показано, что наночастицы серебра, полученные с использованием штамма *Bacillus pumilus* R25**,** обладают выраженной антибактериальной активностью в отношении как грамположительных (*S.aureus*), так и грамотрицательных (*E.coli*, *P.aeruginosa*) микроорганизмов.

НАУЧНЫЕ ОСНОВЫ БИОТЕХНОЛОГИЧЕСКОЙ КОНВЕРСИИ ВТОРИЧНОГО СЫРЬЯ АГРОПРОМЫШЛЕННОГО КОМПЛЕКСА В ПИЩЕВЫЕ БИОАКТИВНЫЕ СОЕДИНЕНИЯ

[1]Маматов Ш.М., [2]Матчанова Д.Ш.

[1]ЦРОП Университет Вебстер в Ташкенте;
[2]Ташкентский химико-технологический институт.
e-mail: m_durdona@mail.ru

Ежегодно агропромышленный комплекс (АПК) генерирует миллионы тонн вторичных материальных ресурсов (жом, пивная дробина, молочная сыворотка, фруктовые выжимки, отруби), значительная часть которых утилизируется или используется с низкой добавленной стоимостью. В условиях перехода к циркулярной биоэкономике актуальной научной задачей является разработка ресурсосберегающих технологий глубокой переработки данного сырья. Биотехнологическая конверсия (ферментативный гидролиз, микробная ферментация) представляет собой наиболее перспективное направление для получения из отходов АПК высокоценных пищевых биоактивных соединений: антиоксидантов, биоактивных пептидов, пребиотических олигосахаридов и витаминов, востребованных в производстве функциональных продуктов питания.

Цель исследования является разработка и научное обоснование биотехнологических процессов направленной конверсии вторичного сырья АПК в пищевые биоактивные соединения с заданными функциональными свойствами.

В качестве объектов исследования использовались вторичные ресурсы АПК (виноградные и томатные выжимки). Биоконверсия осуществлялась с применением селекционированных штаммов микроорганизмов (*Bacillus subtilis)* и ферментных препаратов (целлюлазы, пектиназы, протеазы).

Оптимизация параметров процесса (температура, pH, концентрация субстрата, время ферментации) проводилась с использованием методов математического планирования эксперимента.

Первый этап биотехнологической конверсии представляет собой фундаментальную, лимитирующую стадию процесса, в ходе которой сложная, структурно-устойчивая матрица вторичного сырья агропромышленного комплекса (лигноцеллюлозные отходы, белково-полисахаридные комплексы жомов, шротов и сывороток) подвергается целенаправленному разрушению.

Вторичное сырье АПК характеризуется высокой степенью кристалличности целлюлозы и наличием лигнинового «панциря», который физически блокирует доступ гидролитических ферментов к целевым связям. Научная задача этапа заключается в деструкции этих барьеров без образования токсичных ингибиторов (например, фурфурола или гидроксиметилфурфурола), которые могут подавлять последующий рост микроорганизмов.

В основе этапа лежит принцип субстратной специфичности ферментов. Используются моноферментные или, что более эффективно, мультиферментные комплексы (целлюлазы, пектиназы, ксиланазы, протеазы), которые действуют синергетически. Например, пектиназы разрушают срединные пластинки растительных клеток, «открывая» доступ целлюлазам к целлюлозным фибриллам, что многократно ускоряет общую кинетику гидролиза.

Эффективность этапа напрямую зависит от оптимизации физико-химических параметров (температура, pH, ионная сила среды, гидромодуль). Научное обоснование требует нахождения компромисса между максимальной активностью ферментов и минимизацией энергозатрат, а также обеспечения

интенсивного массопереноса в гетерогенной системе «твердое сырье – жидкая ферментная среда».

Качество полученного гидролизата предопределяет скорость роста микроорганизмов на втором этапе (ферментации), профиль синтезируемых ими метаболитов и, в конечном итоге, биологическую активность и безопасность конечного пищевого ингредиента.

ВТОРИЧНОЕ СЫРЬЕ АПК КАК СТРАТЕГИЧЕСКИЙ РЕСУРС ДЛЯ ПРОИЗВОДСТВА ФУНКЦИОНАЛЬНЫХ ПРОДУКТОВ ПИТАНИЯ

[1]Матчанова Д.Ш., [2]Маматов Ш.М.

[1]Ташкентский химико-технологический институт;
[2]ЦРОП Университет Вебстер в Ташкенте;
e-mail: m_durdona@mail.ru

Актуальность исследования научных основ биотехнологической конверсии вторичного сырья агропромышленного комплекса (АПК) в пищевые биоактивные соединения обусловлена комплексом экологических, экономических, социальных и стратегических факторов, определяющих вектор развития современной пищевой и биотехнологической отраслей.

Ежегодно предприятия АПК генерируют десятки миллионов тонн вторичных материальных ресурсов (ВМР) - зерновых отрубей, фруктовых и овощных выжимок, пивной дробины, молочной сыворотки, жомов, шротов и т.д. Традиционная линейная модель экономики, предполагающая использование этого сырья в качестве дешевых кормов или его захоронение, демонстрирует свою неэффективность. Накопление биологических отходов приводит к серьезным экологическим проблемам: загрязнению почв и водных ресурсов, эмиссии парниковых газов. В условиях глобального перехода к

циркулярной биоэкономике и концепции «нулевых отходов» (Zero Waste), вторичное сырье АПК перестает рассматриваться как «отход» и приобретает статус ценного альтернативного ресурса.

Современный мировой и отечественный рынки демонстрируют устойчивый рост спроса на функциональные продукты питания, нутрицевтики и биологически активные добавки (БАД). Потребители все чаще отдают предпочтение продуктам, направленным на профилактику алиментарно-зависимых заболеваний, укрепление иммунитета и продление активного долголетия. Ключевыми компонентами таких продуктов являются пищевые биоактивные соединения (БАВ): антиоксиданты (полифенолы, флавоноиды), биоактивные пептиды, пре- и пробиотики, витамины. Вторичное сырье АПК богато этими веществами, которые находятся в связанном состоянии. Актуальность заключается в необходимости «раскрытия» этого потенциала для создания новых, доступных по цене функциональных пищевых ингредиентов.

Традиционные методы извлечения БАВ из растительного и животного сырья (химическая экстракция с использованием органических растворителей, сверхкритическая флюидная экстракция) часто требуют высоких энергозатрат, применения токсичных реагентов и приводят к деструкции термолабильных целевых молекул. Биотехнологическая конверсия (с использованием ферментативного гидролиза и направленной микробной ферментации) выступает наиболее перспективной «зеленой» альтернативой. Она позволяет проводить процесс в мягких условиях, обеспечивая высокую специфичность и селективность. Однако, несмотря на очевидные преимущества, научные основы таких процессов разработаны фрагментарно.

В современных геополитических и экономических условиях обеспечение продовольственной безопасности и технологического суверенитета становится приоритетной государственной задачей. Создание отечественных научно обоснованных технологий получения пищевых БАВ из доступного внутреннего вторичного сырья АПК напрямую способствует импортозамещению, снижению себестоимости функциональных продуктов и укреплению независимости отечественной биотехнологической отрасли.

Таким образом, актуальность темы определяется острой необходимостью решения проблемы утилизации многотоннажных отходов АПК через их переработку с повышением ценности. Разработка научных основ биотехнологической конверсии позволит создать инновационный, экологически безопасный и экономически целесообразный инструментарий для производства востребованных рынком пищевых биоактивных соединений, что отвечает как глобальным целям устойчивого развития, так и стратегическим интересам национальной экономики.

ИССЛЕДОВАНИЕ ПРОЦЕССОВ КУЛЬТИВИРОВАНИЯ И РЕГЕНЕРАЦИИ *ATRIPLEX MONETA* В УСЛОВИЯХ *IN VITRO*.

[1]Матчанова Д.Ш. , [2]Холбекова Х.У., [1]Назарова К.Х.

[1]Ташкентский химико-технологический институт;
[2]Институт Биоорганической химии имени академика А.С.Садыкова АНРУз.
e-mail: m_durdona@mail.ru

Род *Atriplex* (сем. Amaranthaceae, подсем. Chenopodioideae) включает виды, адаптированные к засоленным местообитаниям, что делает их перспективными объектами для рекультивации земель и использования в качестве кормовых культур. *Atriplex moneta* - однолетнее травянистое растение, распространенное в Центральной Азии и Иране, обладающее

уникальными физиологическими механизмами выведения солей. На территории Узбекистана *Atriplex moneta* растет на песках и гипсоносных глин предгорья Байсуна в Сурхондарьинской области. Однако эффективность его введения в культуру тканей и оценка солеустойчивости in vitro изучены недостаточно.

Изучение морфологии *A. moneta,* разработка методов стерилизации эксплантов и оптимизация условий микроклонального размножения и отбора солеустойчивых форм в культуре in vitro является главной целью нашего исследования.

Исследуемый материал собран на засоленных почвах Байсуна (Сурхондарьинская область, Узбекистан). Для инициации и мультипликации побегов использовалась модифицированная среда Мурасиге и Скуга (1/2 MS) с добавлением 3% сахарозы, 0,7% агара, миоинозитола (100 мг/л), казеина (100 мг/л), аденина и кинетина. На стадии укоренения тестировались среды без регуляторов роста и с добавлением ИБК (0,49 и 2,45 мкМ). Для оценки солеустойчивости в среду вносили NaCl в концентрациях от 25 до 1000 мМ. Культивирование проводили при 25±2°C, фотопериоде 18 часов и освещенности 50 мкмоль·м$^{-2}$·с$^{-1}$.

В ходе выполнения научно-исследовательской работы проведена комплексная таксономическая верификация вида *Atriplex moneta,* подтверждена его систематическая принадлежность к роду *Atriplex L.* семейства *Amaranthaceae.* На основании морфологической дифференциации выявлены ключевые диагностические признаки таксона, включая специфическую вертикальную ориентацию семян в плоде, кольцевидную топографию зародыша, а также наличие характерных чешуйчатых трихом на

поверхности вегетативных органов, что служит важным критерием для видовой идентификации в пределах секции.

Биохимический анализ вегетативной массы и семян подтвердил высокий уровень накопления протеинов и определил количественное содержание незаменимых аминокислот. Полученные данные свидетельствуют о высокой кормовой безопасности вида и обосновывают возможность его широкого использования в рационах сельскохозяйственного скота без необходимости проведения дополнительных детоксикационных процедур.

В разделе биотехнологии разработан и оптимизирован высокоэффективный протокол введения *Atriplex moneta* в культуру in vitro. Подобраны режимы поверхностной стерилизации эксплантов, обеспечивающие максимальную выживаемость тканей при минимальном уровне контаминации, а также определены оптимальные составы питательных сред для индукции морфогенеза и регенерации полноценных растений. Данная методика представляет собой надежный инструмент для микроклонального размножения, позволяющий осуществлять массовую репродукцию генетически однородного посадочного материала.

Суммируя вышеизложенное, разработанный протокол культивирования *Atriplex moneta* является перспективной в области биотехнологии для сохранения генетических ресурсов вида и восстановления его популяций. Полученные экспериментальные данные рекомендуются к использованию в программах селекции солеустойчивых кормовых культур и могут служить научным обоснованием для интродукции вида в сельскохозяйственный оборот в условиях аридных и засоленных земель, способствуя повышению продуктивности агроценозов в засушливых регионах.

ОЦЕНКА АГРОБИОЛОГИЧЕСКОЙ ЭФФЕКТИВНОСТИ НЕКОТОРЫХ БИОПРЕПАРАТОВ НА ХЛОПЧАТНИКЕ

Рахматова Н.Р., Камбурова В.С.

Центр геномики и биоинформатики Академии наук Республики Узбекистан.
e-mail: rakhmatova_nodira@mail.ru

В последние годы в республике особое внимание уделяется мероприятиям, направленным на повышение плодородия почв и увеличение урожайности сельскохозяйственных культур. В этом направлении достигнуты положительные результаты благодаря применению метода предпосевной обработки семян биопрепаратами, который способствует активизации физиологических и биохимических процессов в растениях.

Использование биопрепаратов нового поколения в хлопководстве способствует повышению иммунного потенциала растений, что, в свою очередь, обеспечивает увеличение урожайности и улучшение качественных показателей хлопкового волокна. В частности, биопрепараты «Микрозим-1» и «Ризоком-1» рекомендуются для защиты растений хлопчатника от фитопатогенов, повышения их устойчивости к условиям засоленных почв, а также улучшения хозяйственно ценных признаков.

Результаты исследований показали, что под воздействием биопрепарата «Микрозим-1» активизируется антиоксидантная ферментная система растений хлопчатника, усиливаются защитные реакции организма и повышается устойчивость растений к неблагоприятным стрессовым факторам окружающей среды.

В Центре геномики и биоинформатики Академии наук Республики Узбекистан в рамках научных исследований, выполняемых на грантовой основе, изучаются методы выращивания сортов хлопчатника с учетом конкретных агроэкологических условий. Одним из таких подходов является

применение различных биопрепаратов, в том числе их сухих препаративных форм, отличающихся стабильностью при длительном хранении, удобством транспортировки и возможностью широкого практического использования.

В данной работе изучено влияние биопрепаратов Микрозим-1 и Ризоком-1 на рост, развитие и урожайность сорта хлопчатника Порлок-4. Оценивалось влияние предпосевной обработки семян биопрепаратами на полевую всхожесть, сохранность растений, урожайность, а также на технологические свойства хлопкового волокна. Кроме того, изучена устойчивость хлопчатника к стрессовым факторам внешней среды и дана биоэнергетическая оценка эффективности применения биопрепаратов.

Экспериментальные исследования проводились в условиях теплицы. Обработка семян осуществлялась по методике, разработанной в Институте микробиологии Академии наук Республики Узбекистан. Полученные результаты свидетельствуют о высокой научной и практической значимости применения биопрепаратов, в частности Микрозим-1 и Ризоком-1, для повышения урожайности сорта хлопчатника Порлок-4.

ОЦЕНКА ИММУНОГЕННОСТИ РАСТИТЕЛЬНОЙ ВАКЦИНЫ НА ОСНОВЕ ТОМАТА ПРОТИВ SARS-COV-2

Шерматов Ш.Э., Усманов Д.Э., Камбурова В.С., Буриев З.Т.

Центр Геномики и биоинформатики АН РУз.
e-mail: sshermatov@hotmail.com

В настоящей работе представлены результаты разработки растительной съедобной вакцины против SARS-CoV-2 на основе трансгенных растений томата. Рекомбинантная конструкция, несущая ген *S1* коронавируса была интегрирована в геном томата. Для дальнейших исследований были отобраны

линии с подтвержденной стабильной экспрессией белка S1, что позволило использовать плоды томата как основу для экспериментальной пероральной вакцины TOMAVAC.

Иммуногенность вакцины оценивали на мышах при двухкратной схеме принудительного кормления с последующим анализом гуморального иммунного ответа. Установлено, что уже после второй дозы иммунизации в группе TOMAVAC происходило выраженное повышение титра RBD-специфических нейтрализующих антител. На 28-е сутки их уровень превышал контроль более чем в 7–9 раз, на 42-е сутки — в 11–14 раз, а на 56-е сутки — в 15–17 раз. По уровню титра антител группа TOMAVAC была сопоставима с парентеральной вакциной AstraZeneca. Показано, что нейтрализующая активность антител в группе TOMAVAC составила 15% на 42-е сутки и 25% на 56-е сутки, что достоверно превышало контрольные значения, хотя оставалось ниже показателей группы AstraZeneca. Важным результатом стало выявление выраженного мукозального иммунного ответа: уровень RBD-специфического секреторного IgA в группе TOMAVAC на 14-е сутки составил 5,9 нг/мл, а на 28-е сутки возрастал до 7,5 нг/мл, что было выше не только контроля, но и парентеральной группы. Это указывает на перспективность пероральной формы вакцины для индукции иммунитета слизистых оболочек, играющего ключевую роль в защите от респираторных вирусов. Таким образом, разработанная томатная вакцина TOMAVAC обладает способностью индуцировать как системный, так и местный иммунный ответ. Полученные результаты подтверждают перспективность использования трансгенных растений как платформы для создания съедобных вакцин нового поколения.

STUDY OF THE EFFECT OF VARIOUS CONCENTRATIONS OF SODIUM CHLORIDE ON THE GROWTH OF RHIZOBACTERIA ISOLATED FROM HALOPHYTIC PLANTS

[1]Abdukarimova I.A., [2]Zakiryaeva S.I., [1]Ergasheva Z.M., [1]Botirova S.K.

[1]National University of Uzbekistan named after Mirzo Ulugbek;
[2]Institute of Microbiology Academy of Sciences of the Republic of Uzbekistan.
e-mail: szakiryaeva@gmail.com

Soil salinization is one of the most serious environmental problems facing modern agriculture. High salt concentrations cause osmotic stress, disrupt plant metabolism, and significantly reduce crop yields. Of particular interest are the rhizosphere microorganisms of halophytic plants, which have adapted to extreme environmental conditions over a long period of evolution. These bacteria are capable of maintaining metabolic activity at high salt concentrations and can be used to develop microbial preparations to improve plant tolerance to salinity.

The aim of this study was to investigate the effect of different concentrations of sodium chloride on the growth of rhizobacteria isolated from halophytic plants. The object of the study was 20 strains of rhizobacteria isolated from the rhizosphere of halophytic plants (*Atriplex undulata* (Moq.) D.Dietr., *Cynanchum acutum* L., *Tamarix* L., *Capparis spinosa* L.). Salt tolerance was determined by cultivating microorganisms on a nutrient medium with the addition of NaCl at concentrations of 200, 400, 600, 800, 1000, 1500, 1800, 2000 and 2600 mM. Growth intensity was taken into account after 72 hours of incubation on a four-point scale: (+++) - intensive growth; (++) - moderate growth; (+) - weak growth; (−) - lack of growth. The study results showed that most of the studied strains are highly resistant to elevated NaCl concentrations. At concentrations ranging from 200 to 1500 mM, almost all cultures maintained vigorous growth (+++), indicating a high physiological adaptation of the microorganisms to osmotic stress. Strains

AU2, AU7 and CS2 were the most resistant, maintaining vigorous growth (+++) not only at concentrations up to 2000 mM but also at the highest tested concentration of 2600 mM NaCl. Consequently, these cultures can be classified as highly halotolerant microorganisms with high adaptive potential. Strains T4, AU6, AU8, AU9, CA3 and CA4 also exhibited high resistance. At a concentration of 2600 mM, their growth decreased slightly to the (++) level, but viability was fully maintained. Strains AU1, AU3, CA1, T1, T3 and T5 maintained growth at the maximum salt concentration, but their growth rate decreased to a weak (+) level. Strain AU5 demonstrated intensive growth up to a concentration of 1500 mM, but at 1800 mM and above, growth ceased completely. A similar pattern was observed for strain T2, which showed a gradual decrease in growth rate starting from 400–600 mM. The high halotolerance of most of the studied cultures is likely due to the presence of effective osmoregulatory mechanisms, including the synthesis of compatible osmolytes (proline, glycine betaine, trehalose), active ion transport systems, and the formation of exopolysaccharides that protect cells from dehydration. These adaptive mechanisms allow microorganisms to maintain metabolic activity even at extremely high salt concentrations.

Thus, the conducted studies demonstrated that rhizobacteria isolated from halophytic plants exhibit a high degree of adaptation to salt stress. Most of the studied strains remained viable at NaCl concentrations up to 2600 mM, indicating their pronounced halotolerance. Strains AU2, AU7 and CS2, which maintained vigorous growth at the highest salt concentration, are the most promising for further research. Strains T4, AU6, AU8, AU9, CA3 and CA4 also demonstrated high resistance, maintaining moderate growth at 2600 mM NaCl. These results suggest the potential use of these microorganisms in the creation of microbial preparations to improve crop productivity in saline soils and in the development of technologies for the biological reclamation of degraded lands.

DEVELOPMENT OF ECOLOGICALLY SAFE BIOPREPARATIONS AGAINST PLANT PESTS BASED ON ACTIVE MICROBIAL STRAINS

Abdurakhmonova M.O.

National University of Uzbekistan named after Mirzo Ulugbek.
e-mail: mujassamahmedova866@gmail.com

In modern intensive agriculture, chemical pesticides are widely applied to maximize crop yields and control pest populations. However, the systematic and uncontrolled use of these chemical agents leads to severe environmental pollution, the destruction of beneficial entomofauna, and the rapid development of pesticide resistance in target pests.

Consequently, the transition toward ecologically sustainable agriculture requires the development of highly effective biological control methods, particularly those based on active microbiological strains. Alongside entomopathogenic bacteria and fungi, *Bacillus amyloliquefaciens*—which actively colonizes the plant rhizosphere—plays a vital role in providing comprehensive crop protection against both insect pests and phytopathogens. Formulations derived from these microbial agents act selectively on target hosts, rendering them completely harmless to beneficial insects and the wider environment.

The study utilized active strains of the entomopathogenic bacterium *Bacillus thuringiensis*, the entomopathogenic fungus *Beauveria bassiana*, and the antagonistic bacterium *Bacillus amyloliquefaciens*, all isolated from local soils and plant rhizospheres.

The biological efficacy was evaluated under laboratory conditions against the two-spotted spider mite (*Tetranychus urticae*) and larvae of the cotton bollworm (*Helicoverpa armigera*), compared to a standard control (distilled water) and a reference chemical insecticide (*imidacloprid, 0.02%*). All bioassays were

performed in five replicates. The experimental data were subjected to statistical analysis using one-way ANOVA in GraphPad Prism software, with differences considered statistically significant at $P < 0.05$.

The endotoxin and spore complex of the *B. thuringiensis* strain ($1x10^8$ CFU/mL) exhibited high insecticidal toxicity against second-instar larvae of H. armigera. After 72 hours of treatment, larval mortality reached 82.3 pm 3.1%, whereas mortality in the control group treated with water did not exceed 5.0 pm 1.2% ($P < 0.01$). The lipopeptides (specifically surfactin and iturin) present in the cell-free supernatant of the *B. amyloliquefaciens* strain demonstrated pronounced inhibitory activity against the growth and development of H. armigera larvae. Furthermore, this antagonistic bacterium establishes a mutualistic relationship within the plant root system, thereby triggering induced systemic resistance (ISR) pathways in the host plant.

When the spore suspension of the *B. bassiana* strain ($1x10^7$ conidia/mL) was tested against adult T. urticae, the biological efficacy reached 81.4 pm 2.8% by day 5. Although this value was slightly lower than that of the chemical reference (imidacloprid – 92.3 pm 1.4%), it represents a highly promising and reliable result for ecologically safe biological control and organic farming systems ($P < 0.05$).

Assessment of the survival and biological activity of the *Bacillus* strains in the soil demonstrated that they do not exert any adverse effects on soil agrochemical properties or the native microbial community, undergoing rapid biodegradation in the soil environment.

The ecologically safe biopreparations developed using active *B. thuringiensis*, *B. amyloliquefaciens*, and *B. bassiana* strains demonstrate high biological efficacy without compromising environmental stability. These microbial agents serve as viable, eco-friendly alternatives to synthetic chemical pesticides in sustainable and organic agricultural practices.

ELUCIDATING STRESS TOLERANCE MECHANISMS IN CAMELTHORN (*ALHAGI PSEUDALHAGI*) THROUGH MULTI-OMICS INTEGRATION AND CRISPR-CAS9-BASED TARGETED GENE MODIFICATION

Bahridinova D.I.

National University of Uzbekistan.
e-mail: bahridinovadiyora52@gmail.com

*Alhagi pseudalhagi***,** a Central Asian endemic plant, exhibits remarkable tolerance to salinity, drought, and heat stress, yet the underlying molecular mechanisms remain poorly understood. This study employs an integrated genomic, transcriptomic, and proteomic approach – including whole-genome sequencing, RNA-seq, and LC-MS/MS proteomics – to identify key stress-responsive genes and regulatory networks. Candidate genes are functionally validated via CRISPR-Cas9-mediated knockout and overexpression. The findings are expected to uncover novel stress tolerance mechanisms and provide valuable genetic resources for developing stress-tolerant crops in arid regions.

Alhagi pseudalhagi plants are collected from the Kyzylkum Desert region of Uzbekistan and grown for four weeks under controlled greenhouse conditions (25°C, 16-hour light/8-hour dark photoperiod). Plants are divided into four groups: control, salt stress (200 mM NaCl), drought stress (20% PEG-6000), and heat stress (42°C for 48 hours). Root, stem, and leaf tissues are harvested at 0, 6, 24, and 48 hours, snap-frozen in liquid nitrogen, and stored at −80°C.

Genomic DNA is extracted using the CTAB method and sequenced using Illumina NovaSeq 6000 and Oxford Nanopore platforms. Total RNA is isolated using TRIzol reagent and subjected to RNA-seq (paired-end, 150 bp). Differential gene expression analysis is performed using DESeq2 (adjusted p-value < 0.05,

|log2FC| > 1.5). Proteins are extracted and analyzed by LC-MS/MS on an Orbitrap Fusion Lumos mass spectrometer, with quantification performed using MaxQuant software. Multi-omics datasets are integrated using the mixOmics R package and WGCNA, while protein–protein interaction networks are constructed using the STRING database.

Candidate genes identified through network analysis are validated by CRISPR-Cas9-mediated knockout and overexpression via *Agrobacterium tumefaciens*-mediated transformation. Editing efficiency is confirmed by Sanger sequencing, and edited lines are evaluated for stress tolerance by measuring proline content, MDA levels, and antioxidant enzyme activities (SOD, CAT, POD). All experiments are conducted in three biological replicates and analyzed using one-way ANOVA with Tukey's post-hoc test ($p < 0.05$)

Multi-omics integration is expected to reveal novel stress-responsive genes and regulatory networks in *Alhagi pseudalhagi*, including those governing ion homeostasis (SOS1, NHX1), osmotic adjustment (DREB2, LEA proteins), and ROS detoxification (SOD, CAT). Transcriptomic and proteomic analyses will identify upregulated genes and confirm their corresponding protein accumulation patterns under combined stress. CRISPR-Cas9 knockout and overexpression lines will functionally validate candidate genes by demonstrating reduced or enhanced stress tolerance, respectively. Overall, these findings will provide a molecular framework for stress adaptation in *Alhagi pseudalhagi* and offer genetic resources for developing stress-tolerant crops in arid regions.

THE GATA TRANSCRIPTION FACTORS AND FUNCTIONS IN DURUM WHEAT

Butaev M.

Tuscia University Italy.
email: madiyorib@gmail.com

Most processes related to growth, development, and responses to various environmental stresses in plants are regulated by transcriptional regulation. Transcriptional control is primarily mediated by transcription factors (TFs), cis-regulatory DNA elements, epigenetic factors, various signaling factors (such as hormonal and stress signals), and non-coding RNAs. Transcription factors play a central role among them, primarily functioning to locate suitable DNA elements for binding and to recruit additional proteins to those sites. Various transcription factor families—ranging from large to small—are known in plants, such as AP2/ERF (APETALA2/Ethylene-Responsive Factor), bHLH (basic Helix–Loop–Helix), MADS-box, bZIP (basic Leucine Zipper), GATA, and TIFY (TIFY protein family: JAZ proteins). Among these, GATA transcription factors are a group of regulatory proteins that contain a type IV zinc finger domain (C-X2-C-X18–20-C-X2-C) and recognize the conserved DNA motif (T/A)GATA(A/G), thereby enhancing or repressing the transcriptional activity of target genes. These DNA motifs in plants are primarily involved in light- and nitrate-dependent transcriptional regulation. Based on the characteristics of their DNA-binding domains and gene structure, the GATA family is divided into four subfamilies. Among the subgroups, the A-class (subfamily) primarily plays a key role in regulating light signaling and photomorphogenesis processes in plants. Studies on GATA2 have identified its role as a regulator linking brassinosteroid (BR) signaling and photomorphogenesis, specifically in hypocotyl elongation; its suppression resulted in reduced hypocotyl elongation in light-grown plants. GATA12 and GATA5 are involved with the

VND7 (VASCULAR-RELATED NAC-DOMAIN 7) transcription factor – which is essential for xylem vessel formation – and serve as key regulators of root development and differentiation. Overexpression of GATA4 has been linked to increased nitrogen use efficiency in *Arabidopsis t.* GATA6 is a crucial GATA transcription factor that modulates responses to drought and salt stress via hormonal signaling pathways. Additionally, GATA17 enhances drought tolerance in tomatoes by activating phenylpropanoid biosynthesis. Members of this gene family have so far been studied in only a limited number of plant species, indicating the need to investigate their functions in other crop species as well.

The results of the aforementioned studies indicate that members of this gene family play a significant role in the formation of phenotypes such as responses to various stresses, involvement in growth and development, and nitrogen use efficiency. Based on the information and conclusions presented above, it was decided to investigate the function of members of the GATA gene family in wheat using CRISPR-Cas9 technology. Currently, a bioinformatic analysis of members of the GATA7 gene family in the durum wheat (*Triticum turgidum* ssp. *durum)* cv. Svevo genome is being conducted within the framework of this study.

EVALUATION OF THE EFFECTIVENESS OF MINERAL CARRIERS FOR THE IMMOBILIZATION OF PHOSPHATE-SOLUBILIZING BACTERIA

[1]Ergasheva M.T., [2]Zakiryaeva S.I., [3]Karimov R.K.

[1]National University of Uzbekistan named after Mirzo Ulugbek;
[2]Institute of Microbiology of the Academy of Sciences of the Republic of Uzbekistan;
[3]Tashkent Institute of Chemical Technology.
e-mail: szakiryaeva@gmail.com

The deficiency of available phosphorus compounds is one of the main factors limiting the productivity of agricultural crops. Although soils contain high levels of total phosphorus, a significant proportion of it exists in insoluble forms that are

unavailable to plants. One environmentally friendly approach to increasing phosphorus availability is the use of phosphate-solubilizing bacteria. However, the effectiveness of microbial preparations largely depends on maintaining the viability of microorganisms during storage and after their application to the soil. A promising solution to this problem is the immobilization of bacterial cells on mineral carriers, which provides protection for the microorganisms, enhances their stability, and enables their prolonged release into the rhizosphere of plants..

The aim of the study was to evaluate the effectiveness of mineral carriers for the immobilization of phosphate-solubilizing bacteria in the development of granular bacterial fertilizers.

The objects of the study were phosphate-solubilizing bacterial strains of the genus *Bacillus* (*Bacillus subtilis* 7A, *Bacillus megaterium* 22P, *Bacillus proteolyticus* 33S, and *Bacillus simplex* 21P). Natural minerals (phosphate rock, glauconite, and sapropel) were used as mineral carriers. Cell immobilization was performed by adsorption onto sterile mineral carriers. Bacterial survival was assessed by determining the number of viable cells (CFU/g) after three months of storage.

The obtained results showed that the efficiency of bacterial viability preservation depended on both the bacterial strain and the type of mineral carrier used. The highest survival of *Bacillus subtilis* 7A cells was observed on phosphate rock, where the viable cell count after three months reached 2×10^7 CFU/g, whereas on sapropel and glauconite it decreased to 1×10^6 and 1×10^5 CFU/g, respectively, from an initial titer of 5.2×10^8 CFU/mL. For the *Bacillus megaterium* 22P strain, glauconite proved to be the most effective carrier, maintaining a viable cell count of 3×10^6 CFU/g. On phosphate rock and sapropel, the viable cell counts were 1×10^6 and 1×10^5 CFU/g, respectively, from an initial titer of 4.8×10^8 CFU/mL.

The *Bacillus proteolyticus* 33S strain also showed the highest survival on phosphate rock, where the viable cell count reached 2×10^5 CFU/g after storage, whereas on glauconite and sapropel it decreased to 2×10^3 CFU/g. The initial titer of the bacterial suspension was 9×10^7 CFU/mL. A similar pattern was observed for the *Bacillus simplex* 21P strain. The highest cell survival was achieved with phosphate rock, where the viable cell count after three months of storage was 2×10^5 CFU/g. Upon immobilization on glauconite and sapropel, the number of viable cells decreased to 3×10^3 CFU/g. The initial titer of the bacterial suspension was 8×10^7 CFU/mL.

In conclusion, the survival of phosphate-solubilizing bacteria following immobilization was found to depend on the type of mineral carrier used. Phosphate rock proved to be the most promising carrier for the majority of the studied strains, ensuring high cell viability during storage. For *Bacillus megaterium* 22P, the best results were obtained with glauconite as the carrier. These findings confirm the potential of natural mineral carriers for the development of granular bacterial fertilizers with enhanced stability and extended shelf life.

ISOLATION OF NODULE BACTERIAL ISOLATES OF LOCAL SOYBEAN VARIETIES TO CREATE A BACTERIAL FERTILIZER INTENDED FOR SALINE SOILS

[1]Ergasheva Z.M., [2]Zakiryaeva S.I.

[1]National University of Uzbekistan named after Mirzo Ulugbek;
[2]Institute of Microbiology, Academy of Sciences of the Republic of Uzbekistan.
e-mail: szakiryaeva@gmail.com

Soybeans (*Glycine max* L.) are one of the most valuable legumes, providing the population with high-quality vegetable protein and oil. Thanks to their ability to form a symbiotic relationship with *Bradyrhizobium* nodule bacteria, plants can

meet up to 70–90% of their nitrogen needs through the biological fixation of atmospheric nitrogen. However, one of the main factors limiting the effectiveness of this symbiosis is soil salinity. High NaCl concentrations have a negative impact on both plants and nodule bacteria. Salt stress leads to decreased rhizobia viability, impaired rhizosphere colonization, reduced nodule formation, and suppressed nitrogenase activity. As a result, the intensity of biological nitrogen fixation is significantly reduced, which is accompanied by a decrease in soybean yield. In recent years, researchers have focused on the isolation and selection of salt-tolerant *Bradyrhizobium japonicum* strains that exhibit high symbiotic efficiency in highly mineralized soils. These microorganisms are able to adapt to osmotic stress through a combination of physiological and biochemical mechanisms.

These include the synthesis of compatible osmolytes, the formation of exopolysaccharides, changes in cell membrane composition, activation of the antioxidant system, and the expression of stress-response genes. Recent research shows that certain salt-tolerant *B. japonicum* strains can maintain high viability even at NaCl concentrations of 2-4%, ensuring effective nodulation and a significant increase in plant biomass.

One of the key stages in developing a bacterial fertilizer based on salt-tolerant *B. japonicum* strains is the isolation and selection of highly effective natural isolates capable of maintaining viability and symbiotic activity under saline conditions. As shown in modern research, local strains isolated directly from plant nodules often exhibit greater adaptation to the region's soil and climatic conditions and outperform commercially available collection cultures in terms of symbiotic efficiency and resistance to abiotic stress.

Therefore, the aim of this study was to isolate nodule bacterial isolates from nodules of local soybean varieties growing in saline soils to create an effective bacterial fertilizer.

We isolated bacterial isolates from the rhizosphere and nodules of the local soybean varieties Tomaris and Orzu. Microbiological analysis yielded over 15 bacterial isolates from the nodules of Tomaris and over 10 isolates from Orzu. Colony growth on a solid nutrient medium containing pea broth was observed after just 24 hours of incubation, and after three days, their diameter reached 2-5 mm, indicating good viability and rapid growth of most of the isolated cultures. Morphological and cultural analysis revealed significant diversity among the isolated microorganisms. The colonies varied in color (white, light gray, gray, cream, yellowish, and light pink), shape, degree of convexity, transparency, and ability to produce mucus. It is known that the formation of mucilaginous exopolysaccharides is one of the important adaptive mechanisms of nodule bacteria under osmotic and salt stress, since it helps protect cells from dehydration, improves adhesion to the root surface and increases the efficiency of nodule formation.

Thus, as a result of the studies conducted, more than 25 bacterial isolates were isolated from the rhizosphere and nodules of the local soybean varieties Tomaris and Orzu. The isolated cultures were characterized by high viability, vigorous growth on nutrient medium, and significant morphological and cultural diversity, indicating a rich microbial community in soybean nodules. The obtained isolates represent promising starting material for further study of their salt tolerance and symbiotic effectiveness, as well as for selecting the most active *B. japonicum* strains for the development of a domestic bacterial fertilizer designed to increase soybean productivity in saline soils.

APPLICATION OF CRISPR/CAS9 GENOME EDITING TECHNOLOGY TO ENHANCE COLD STRESS TOLERANCE IN GRAPEVINE (*VITIS VINIFERA* L.)

Eshmurzaev J.B., Ubaydullaeva H.A., Abdullaev S.A., Abdullaev A.N., Babadjanova F.I., Yusupov H.N.

Center of Genomics and Bioinformatics of the Academy of Sciences of the Republic of Uzbekistan.
e-mail: jakhongireshmurzaev@gmail.com

Currently, global climate change has led to an increase in extreme low-temperature events, which negatively affect agriculture, particularly viticulture. According to climate scientists, alongside global warming, the frequency of extreme cold events is also expected to rise. This poses a serious challenge for cold-sensitive crops such as grapevine (*Vitis vinifera* L.).

Grapevine plants are typically damaged at temperatures below −25°C, resulting in a significant reduction in yield. Therefore, the development of cold-tolerant varieties is an urgent research priority. Although conventional breeding methods have achieved some success, they are time-consuming and limited by genetic variability.

In recent years, CRISPR/Cas9 genome editing technology has emerged as a revolutionary approach in plant breeding. This system enables precise modification of gene function through targeted DNA sequence cleavage. Using CRISPR/Cas9, it is possible to knock out genes, modify gene sequences, or introduce new desirable traits.

Cold stress tolerance in grapevine is regulated by a complex genetic network. Key genes involved in this process include CBF (C-repeat binding factor), COR (cold-responsive), and ICE1 (Inducer of CBF Expression 1). These genes activate protective mechanisms under cold stress, stabilize cell membranes, and enhance plant adaptation to low temperatures.

In addition, there are negative regulatory genes that suppress cold stress responses. These genes reduce the efficiency of protective mechanisms. Using CRISPR/Cas9 technology, inactivation of such negative regulators can enhance cold tolerance by allowing stronger expression of protective genes.

Recent studies have demonstrated that CRISPR/Cas9 can successfully improve stress tolerance in various plant species by enabling functional gene analysis and the development of improved cultivars.

In this study, we propose to apply CRISPR/Cas9 technology to enhance cold stress tolerance in grapevine. Target genes include negative regulators of cold stress response. Work is currently underway to construct CRISPR vectors and perform plant transformation experiments.

The results of this research are expected to contribute to the development of cold-resistant, high-yielding, and stable grapevine varieties. Furthermore, this study may provide important scientific insights for sustainable viticulture under conditions of global climate change.

STRATEGIC OPTIMIZATION OF EXPLANT STERILIZATION AND *IN VITRO* ESTABLISHMENT PROTOCOLS FOR SUNFLOWER (*HELIANTHUS ANNUUS* L.)

[1]Eshonkulova D.Sh., [1]Teshaeva F.I., [1]Ilyosiddinova K.A., [1]Abdirahimova S.Sh., [2]Nazirov M.L.M., [2]Kurbonov A.Y., [1]Ziyaev Z.M., [1]Turaev O.S.

[1]Research Institute of Plant Genetic Resources, National Center for Knowledge and Innovation in Agriculture;
[2]Cotton Breeding, Seed Production and Agrotechnology Research Institute, National Center for Knowledge and Innovation in Agriculture.
e-mail: abdiolimovna1327@gmail.com

Sunflower (*Helianthus annuus* L.) is a globally important oilseed crop of significant economic value in modern agriculture. The application of *in vitro* biotechnologies, including micropropagation, genetic transformation, somatic

embryogenesis, and organogenesis induction, is essential for developing resilient, stress-tolerant genotypes capable of withstanding climate-induced challenges, such as drought and soil salinity. However, the successful integration of these biotechnological tools remains fundamentally constrained by the biological complexity of sunflowers, which often exhibit a recalcitrant response to *in vitro* cultivation. Among the various technical hurdles, mitigating microbial contamination remains the most critical factor in determining the establishment and subsequent regeneration success of plant materials.

The selection and preparation of explants—ranging from seeds, cotyledons, and hypocotyl segments to apical meristems and immature embryos—require highly refined genotype-specific sterilization protocols. Achieving the necessary level of sterility requires a balanced approach, wherein decontamination agents effectively neutralize surface microorganisms without inducing phytotoxicity or compromising the tissue's regenerative potential. Ethanol (70%) is commonly used as a primary surface disinfectant because of its ability to denature lipid membranes and rapidly inactivate superficial bacteria and fungi. This is frequently supplemented with sodium hypochlorite (NaOCl) or hydrogen peroxide (H_2O_2), the latter increasingly favored as an environmentally benign, low-toxicity alternative to traditional reagents such as mercuric chloride ($HgCl_2$), which, while potent, poses significant risks to personnel and the environment.

In instances where surface sterilization alone is inadequate to address high levels of endophytic or latent contamination, practitioners must adopt more complex and integrated strategies. The application of silver nitrate ($AgNO_3$) offers strong antimicrobial activity; however, its usage necessitates careful concentration management to prevent tissue browning and inhibited growth. Furthermore, the incorporation of systemic fungicides and antibiotics can assist in cleaning

contaminated materials, although researchers must remain vigilant regarding their potentially inhibitory effects on morphogenesis and plant vitality.

Ultimately, optimizing sterilization protocols for sunflowers is not a one-size-fits-all endeavor but a systematic process tailored to the specific characteristics of the genotype and physiological state of the explant. Future advancements in this field depend on moving beyond basic disinfection toward a holistic management system, prioritizing the cultivation of donor plants under strictly controlled sanitary conditions, coupled with the refined use of preservative mixtures to ensure a sterile and healthy foundation for advanced sunflower improvement programs.

ENHANCING YIELD IN SUNFLOWER (*HELIANTHUS ANNUUS* L.) VIA CRISPR/CAS9: A REVIEW OF GENETIC TARGETS AND EDITING STRATEGIES

Ilyosiddinova K.A., Eshonkulova D.Sh., Teshaeva F.I., Abdirahimova S.Sh., Mirzakarimova N.A., Ziyaev Z.M., Turaev O.S.

Research Institute of Plant Genetic Resources, National Center for Knowledge and Innovation in Agriculture.
e-mail: abdiolimovna1327@gmail.com

Sunflower (*Helianthus annuus* L.) is a globally important oilseed crop that plays a critical role in the agricultural economy and food security. Yield potential is a complex polygenic trait characterized by a multifaceted interplay of genetic, physiological, and environmental factors. Although traditional breeding methods have successfully improved sunflower varieties over decades, they are frequently constrained by the long generation times of sunflowers and the unpredictable nature of quantitative trait loci (QTL) inheritance. In this context, modern genome-editing technologies, particularly the CRISPR/Cas9 system, represent a paradigm shift in crop improvement, offering a precise, efficient, and rapid tool for targeted genomic intervention.

At the molecular level, sunflower productivity is driven by a hierarchy of integrated components, including the number of seeds per capitulum (head), seed-filling duration, kernel weight, and oil composition. Because these traits are governed by multigenic networks that are highly responsive to environmental stress, the efficacy of conventional selection methods remains limited. CRISPR/Cas9 technology overcomes these limitations by utilizing a customizable guide RNA (gRNA) to direct the Cas9 endonuclease to specific genomic coordinates. This precise targeting facilitates site-specific double-strand breaks (DSBs), which, when repaired via non-homologous end joining (NHEJ) or homology-directed repair (HDR), enable site-specific gene knockout, precise sequence insertion (knock-in), or refined transcriptional regulation. The primary advantage of this approach is its capacity for multiplex editing, which allows for the simultaneous modification of multiple genes within a single regulatory pathway, thereby accelerating the accumulation of beneficial alleles.

To translate these genomic capabilities into tangible yield increases, it is imperative to identify and prioritize the functional genetic targets. These targets can be stratified into four distinct functional domains: first, growth and biomass-related genes that regulate primary vegetative development; second, generative development genes that directly influence capitulum architecture and seed set efficiency; third, phytohormone signaling pathways, specifically auxin, gibberellin, and cytokinin cascades, which act as master regulators of cell division and organ differentiation; and fourth, abiotic stress tolerance genes, which are essential for maintaining productivity under climate-variable conditions. Modulating these pathways requires a sophisticated understanding of pleiotropy, the phenomenon in which a single genetic alteration may inadvertently impact multiple competing traits. For example, enhancing biomass through the manipulation of vegetative

growth genes may divert energy away from seed filling, necessitating a delicate balance to avoid deleterious trade-offs.

Furthermore, the successful deployment of CRISPR/Cas9 in sunflowers must contend with technical and biological hurdles, including off-target mutations, which can introduce unintended genomic variability, and inherent variability in genotype-specific transformation efficiency. Despite these challenges, the trajectory of current research points toward an "integrated systems-biology approach." Instead of focusing on the modification of isolated genes, future breeding programs must prioritize the precision editing of entire gene regulatory networks to achieve robust phenotypic stability. By refining tissue culture protocols and optimizing Cas9 expression cassettes, researchers are better equipped to overcome the traditional bottlenecks of sunflower transformation. In conclusion, CRISPR/Cas9 is a potent instrument for the future of sunflower improvement. By focusing on the simultaneous and precise coordination of yield-related loci and balancing stress resilience with productivity, this technology provides a coherent and practical pathway for developing sunflower cultivars that are not only high-yielding but also resilient to the dynamic challenges of modern agriculture.

SCREENING OF PROMISING PHOSPHATE-MOBILIZING BACTERIA FOR THEIR ABILITY TO PRODUCE ORGANIC ACIDS FOR THE DEVELOPMENT OF ENVIRONMENTALLY FRIENDLY BIOFERTILIZERS

[1]Islomova M.N., [1]Zakiryaeva S.I., [2]Ergasheva M.T., [2]Botirova S.K.

[1]Institute of Microbiology Academy of Sciences of the Republic of Uzbekistan;
[2]National University of Uzbekistan named after Mirzo Ulugbek.
e-mail: szakiryaeva@gmail.com

Phosphorus is one of the most important mineral nutrients for plants, but a significant portion of it is found in the soil as poorly soluble compounds of calcium, iron, and aluminum.

One of the primary mechanisms for biological phosphorus mobilization is the synthesis of organic acids by rhizosphere bacteria. The resulting gluconic, citric, malic, succinic, and other organic acids lower the pH of the medium, form chelate complexes with metal cations, and convert insoluble phosphates into forms accessible to plants. Therefore, the selection of highly active acid-producing strains is an important step in the development of environmentally friendly microbial biofertilizers.

The aim of the study was to screen promising phosphate-mobilizing bacteria for their ability to produce organic acids.

The study involved 15 strains of phosphate-mobilizing bacteria from the genera *Bacillus*, *Pseudomonas*, *Azotobacter* and *Rahnella*. The cultures were grown in liquid Pikovskaya and NBRIP media. The rate of organic acid production was determined after 1, 3, 6, and 8 days of cultivation.

The obtained results revealed significant differences between the studied strains in their ability to synthesize organic acids. On Pikovskaya medium, the maximum acid-forming activity was demonstrated by the *Rahnella aquatilis* 14R strain, whose organic acid content increased from 3.36 mg/ml on the first day to 7.08 mg/ml on the eighth day. High activity was also observed in *Bacillus subtilis* 7A, whose indicator reached 5.93 mg/ml, and *B. megaterium* 9T, which increased organic acid production to 4.81 mg/ml. The *B. proteolyticus* 33S strain was characterized by intensive organic acid synthesis on the third day (4.50 mg/ml), but by the end of the experiment this indicator decreased to 1.75 mg/ml. In *Pseudomonas monteilii* 19A, a gradual increase in organic acid content was observed from 3.96 to 4.74 mg/ml.

On NBRIP medium, most *Bacillus* strains demonstrated higher acid-forming activity. The highest values were recorded for *B. proteolyticus* 33S (6.07 mg/ml), *B. subtilis* 7A (5.63 mg/ml) and *B. megaterium* 5F (5.45 mg/ml). The *B. megaterium* 9T strain gradually increased its organic acid production to 3.91 mg/ml by the eighth day. Unlike representatives of the genus *Bacillus*, strains *R. aquatilis* 14R and *P. monteilii* 19A demonstrated significantly lower acid-forming activity on NBRIP medium. The maximum values for *R. aquatilis* 14R were 2.88 mg/ml, and for *P. monteilii* 19A, 2.36 mg/ml, indicating a significant impact of the nutrient medium composition on the intensity of organic acid synthesis.

A comparative analysis revealed that acid-forming activity depends on both the genetic characteristics of the microorganisms and the cultivation conditions. NBRIP medium proved more favorable for representatives of the genus *Bacillus*, while *R. aquatilis* 14R and *P. monteilii* 19A produced organic acids more efficiently on Pikovskaya medium. This is likely due to the metabolic peculiarities of different bacterial species and the differences in the composition of the culture media used.

Thus, the conducted screening allowed us to identify the most promising strains based on their ability to produce organic acids. On Pikovskaya medium, *R. aquatilis* 14R demonstrated maximum activity (7.08 mg/ml), while on NBRIP medium, the most effective were *B. proteolyticus* 33S (6.07 mg/ml), *B. subtilis* 7A (5.63 mg/ml), and *B. megaterium* 5F (5.45 mg/ml). These results demonstrate the high biotechnological potential of these strains and allow us to recommend them for further research in the development of environmentally friendly, next-generation phosphate-mobilizing biofertilizers.

PRECISION GENOME EDITING OF THE NEGATIVE REGULATOR *PPRT1* IN ELITE UZBEK BREAD WHEAT VARIETIES (*TRITICUM AESTIVUM* L.) FOR ENHANCED DROUGHT TOLERANCE USING CRISPR-CAS9

Makhmudova M.U., Alijonova M.T., Abdirahimova S.Sh.,
Ziyaev Z.M., Turaev O.S.

Research Institute of Plant Genetic Resources, National Center for Knowledge and Innovation in Agriculture.
e-mail: mmahmudova078@gmail.com

The escalating impacts of climate change, particularly drought and soil salinity, present a significant challenge to food security in Uzbekistan by limiting the productivity of bread wheat (*Triticum aestivum* L.). To address this, in our research, we utilized CRISPR-Cas9 genome editing technology to knock out *TaPPRT1* gene orthologs within local Uzbek wheat varieties, such as Asr, Davr, and Qayroqtosh.

The rationale for targeting *PPRT1* lies in its inhibitory role in the ABA-dependent stress response pathway. Under normal conditions, *PPRT1* acts as a negative regulator, suppressing the plant’s defense response by facilitating the degradation of positive signaling components through the Ubiquitin-26S Proteasome System (UPS). When a plant encounters abiotic stress, the ABA hormone normally triggers adaptive physiological changes; however, the presence of *PPRT1* limits the intensity and duration of this protective response.

By eliminating this gene, we aim to remove this suppression, thereby amplifying the plant’s innate stress defense mechanisms and helping it maintain metabolic homeostasis and achieve higher yields under harsh environmental conditions.

Prior to genome editing, our team established an optimized *in vitro* regeneration protocol for local wheat varieties, which is a prerequisite for

successful plant transformation. We tested four variants of callus induction media, each including different concentrations of the 2,4-D hormone, to determine the optimal physiological response for local germplasm. Following callus formation, three distinct variants of shoot induction media with varying hormone combinations were evaluated for their effectiveness. This was followed by the use of specialized rooting induction media to ensure healthy plantlet development during the micropropagation process. Through this optimization process, the Asr variety was identified as demonstrating the most favorable regeneration efficiency, making it the primary candidate for CRISPR-Cas9 experiments.

Following the establishment of this protocol, we moved to *in silico* design, using the ‘CRISPOR’ tool to create three multiplex single-guide RNAs (sgRNAs) targeting the exon 2 region across all three (A, B, and D) subgenomes. To ensure the efficacy of these guides, ‘RNAfold’ was used to perform thermodynamic profiling and avoid secondary structures that could inhibit Cas9 activity. Because reference genomes, such as Chinese Spring, may not represent the genetic makeup of local cultivars, we employed Sanger sequencing to verify the target sites within specific elite lines. According to this pre-validation, two of the gRNAs matched the local sequences perfectly, whereas the third showed a mismatch. Consequently, the third gRNA was redesigned to ensure a perfect match, preventing an incomplete subgenome knockout.

We are currently constructing these genetic vectors in the laboratory. Following completion of this phase, we will conduct *Agrobacterium*-mediated transformation of the CRISPR construct into wheat embryos to generate *PPRT1* knockout plants. This comprehensive approach establishes a definitive and optimized pathway for developing climate-resilient wheat in Uzbekistan, providing a vital tool for the future of sustainable agriculture.

CRISPR-MEDIATED GENOMIC ENGINEERING FOR NEXT-GENERATION CEREAL AND OIL CROP IMPROVEMENT

Norov T.M., Kimsanova N.B., Alijonova M.T., Teshaeva F.I., Ilyosiddinova K.A., Makhmudova M.U., Eshonkulova D.Sh., Ziyaev Z.M., Turaev O.S.

Research Institute of Plant Genetic Resources, National Center for Knowledge and Innovation in Agriculture.
e-mail: tokhirnorov87@gmail.com

The global agricultural sector faces the formidable challenge of securing food and nutritional requirements for a population projected to exceed 9.8 billion by 2050. While traditional breeding methods have historically underpinned global food security, they are often hindered by lengthy developmental cycles, limited genetic diversity, and the “linkage drag” of undesirable traits. Furthermore, the productivity of essential cereal crops, the primary caloric source for human civilization, and oilseeds, which are vital for the global bioeconomy, are increasingly threatened by climate-driven abiotic stress and pathogens. CRISPR/Cas genome editing has emerged as a revolutionary paradigm shift, enabling precise, targeted, and rapid modifications of plant genomes to address these critical limitations.

The evolution of the CRISPR toolbox, from early ZFNs and TALENs to RNA-guided systems, has democratized genome engineering. The simplicity and cost-effectiveness of CRISPR/Cas9, coupled with second-generation precision tools, such as base editing and prime editing, enable high-fidelity modifications. These advancements have enabled the transition from stochastic mutagenesis to the intentional design of climate-resilient, high-yielding crop varieties. Multiplexing, the concurrent editing of multiple genomic loci, is particularly transformative for complex polyploid crops, such as wheat, rapeseed, and cotton, where functional redundancy among homeologous alleles often masks phenotypic changes.

In cereal crops, CRISPR technology has been instrumental in optimizing yield, enhancing nutrient-use efficiency, and bolstering resilience to environmental stressors. Rice, as the primary cereal model, has benefited from precision mutagenesis targeting key signaling nodes to improve salinity and oxidative stress tolerance, as well as the disruption of susceptibility (S) genes to confer disease resistance. Similarly, in wheat and maize, CRISPR has facilitated the development of high-yielding, hybrid-compatible lines and varieties with improved architectural traits for high-density cultivation.

The application of CRISPR in oilseed crops focuses on the systematic “rewiring” of complex lipid biosynthetic pathways. Strategies such as the orchestrated knockout of the *FAD2* and *FAD3* gene families in soybean, rapeseed, and cotton have produced “designer oils” with high oleic acid content and reduced polyunsaturated fatty acids, eliminating the need for industrial hydrogenation of oils. Beyond lipid profiles, CRISPR is being utilized to improve meal quality by reducing anti-nutritional compounds, such as glucosinolates and phytic acid. Furthermore, this technology is accelerating the de novo domestication of “orphan” or wild oilseeds, such as Camelina and field pennycress, rapidly converting them into optimized, sustainable biofuel feedstocks.

Looking forward, the integration of CRISPR/Cas with advanced breeding methodologies, such as speed breeding, AI-driven digital design, and in planta transformation strategies, promises to significantly compress breeding timelines. While technical bottlenecks, such as transformation recalcitrance and the need for improved Homology-Directed Repair (HDR) efficiency, persist, the ongoing evolution of CRISPR technology offers a definitive pathway toward a resilient and sustainable agricultural future. Ultimately, achieving this vision will require international regulatory harmonization and transparent public engagement to facilitate the adoption of these life-saving innovations.

PHYA1 GENE EDITING IN *GOSSYPIUM HIRSUTUM* L USING CRISPR/CA9: CALLUS INDUCTION AND SOMATIC EMBRYOGENESIS

[1]Orifjonova U.A., [1]Ubaydullayeva X.A., [1]Ayubov M.S., [2]Boboqulov M.Sh.

[1]Center of Genomics and bioinformatics Academy of Sciences of the Republic of Uzbekistan;
[2]Rice research institute Ministry of Agriculture National Center for Knowledge and Innovation in Agriculture.
e-mail: orifjonovaumidakhan@gmail.com

Biotechnological approaches consisting of genome editing, genetic engineering, and application of *in vitro* technologies have become essential tools in helping to develop of new plant types in recent years. Among these techniques somatic embryogenesis is important for genetic improvement and plant regeneration. Currently, almost 80% of the cotton produced globally has undergone gene editing via several types of technologies. Since somatic embryogenesis depends mainly on the appropriate induction of callus tissue, it is considered as a vital stage in producing cotton plants with targeted agronomic traits.

Plant growth regulators (PGRs), the type of explant used, the culture medium's composition, and environmental factors all have an impact on callus proliferation. Therefore, improving the efficiency of callus induction and figuring out how various growth regulators impact culture medium remains to be crucial research goals. Researchers including Mitha Aprilia Mufadilah, Medet Korkunç, T. Ezhilarasi, and others have investigated the effect of different growth regulators on callusogenesis in several research studies. Nevertheless, modifying culture medium for cotton somatic embryogenesis stays on to be a major area of scientific investigation. Previous research used several culture media, namely Murashige and Skoog (MS), Nitsch and Nitsch (NN), B5, Driver and Kuniyuki Walnut (DKW), Woody Plant Medium (WPM), half-strength MS (½ MS), and modified MS (MMS) in somatic embryogenesis. The MS medium is most commonly used to callus induction in cotton and for somatic embryogenesis in dicotyledonous plants.

In addition, supplementing the MS medium with Gamborg B5 vitamins has been demonstrated to enhance callus formation in certain *Gossypium species*.

Investigations has proven that the addition of 2,4-dichlorophenoxyacetic acid (2,4-D) to the MS medium at concentrations between the 0.1 and 0.5 mg/L causes intense callus development and cell dedifferentiation. Auxins and cytokinins combination have been identified to be a significant component influencing callus induction in several studies. Particularly, it has been shown that mixture of synthetic auxin 2,4-D with synthetic cytokinin kinetin enhances callus mass. As a result, rapidly growing calli with high embryogenic potential were obtained in several experiments.

Auxin proportion in the culture medium has significant effects on callusogenesis as well. Calli produced by medium with minimal amounts of 2,4-D mixed with kinetin were smooth, very friable, and ranged in color from light cream to yellow or brown, based on an article by T. Ezhilarasi and G. Nallathambi (2015). Higher 2,4-D concentrations, on the other hand, caused darkly colored, watery, dense, and less friable calli to develop. Similarly, S. Rajeswari (2010) identified the most effective way to induce callus in cotton was to add 0.1 mg/L 2,4-D and 0.5 mg/L kinetin to MS medium.

After the design of a genetic construct which targets the *PHYA1* gene, the somatic embryogenesis process was conducted during this research applying the Keerti S. Rathore (2001) methodology. This method is recognized as one of the conventional methods to enhance cotton regeneration efficiency. Optimal laboratory conditions, such as adequate light intensity, temperature, and humidity, were maintained during the callusogenesis process. Successful callus induction from the explants has been achieved, despite the fact that the composition of the culture medium used during the experiment differs somewhat from those recommended in other research papers.

DESIGN AND IMPLEMENTATION OF *PHYA1* GENE EDITING USING CRISPR/CAS9

[1]Orifjonova U.A., [1]Ubaydullayeva X.A., [1]Ayubov M.S., [1]Yusupov H.N., [1]Abdullayev A.N., [1]Babadjanova F.I., [2]Boboqulov M.Sh.

[1]Center of Genomics and bioinformatics Academy of Sciences of the Republic of Uzbekistan; [2]Rice research institute Ministry of Agriculture National Center for Knowledge and Innovation in Agriculture.
e-mail: orifjonovaumidakhan@gmail.com

Light signals regulate plant growth and development, with phytochrome family photoreceptors playing an essential role. Sensing red and far-red light (~600–800 nm), phytochromes manipulate several of crucial functions, such as photomorphogenesis, seed germination, floral initiation, and tropism. All five types of this gene family – *PHYA*, *PHYB*, *PHYC*, *PHYD*, and *PHYE* – have all been deeply studied in *Arabidopsis thaliana.*

Although *PHYD* has not been identified in the cotton genome, the *PHYA*, *PHYB*, *PHYC*, and *PHYE* genes have been identified as full gene sets derived from diploid ancestors in the economically important tetraploid cotton species. The *PHYA* gene gave rise to two paralogs, *PHYA1* and *PHYA2*, as a result of an evolutionary event that happened approximately 14 million years ago. The evidence presented indicates that the structure and domains of the *PHYA1* and *PHYA2* genes are comparable. *PHYA1*’s Ka/Ks ratio, however, is roughly zero, indicating that its fundamental role remains stable and that its nucleotide and protein sequence stability is high. On the reverse one, *PHYA2’*s Ka/Ks ratio is equal to 8.2, demonstrating a higher degree of sequence variation, a faster pace of evolution, and a possibility for sub functionalization or the acquisition of new functions.

Furthermore, many studies showed that RNAi-mediated suppression of *PHYA1* leads to compensatory overexpression of other phytochrome genes,

including *PHYB* and *PHYE*, in addition to boosted fiber length. This is linked to increased yield, root development, and vegetative growth, demonstrating that *PHYA1* is a key regulator of cotton fiber quality and important agronomic traits at the molecular level.

Recent breakthroughs in genome editing, including the use of technologies such as CRISPR/Cas9, TALEN, and ZFN, enable precise change of target genes. In contrast to TALENs and ZFNs, CRISPR/Cas9 is more effective, practical, and technically uncomplicated. Through the application of this technology, plant genomes may be specifically changed to enhance traits like yield, disease resistance, stress tolerance.

The SpCas9 protein, a 1368-amino-acid multi-domain DNA endonuclease, is applied in the CRISPR/Cas9 system to cleave a specific genomic locus based on the guidance of a 20-nucleotide single guide RNA (sgRNA). The blunt-ended double-strand break (DSB) triggered by Cas9 is repaired by the cell’s DNA repair systems via either non-homologous end joining (NHEJ, knock-out) or homology-directed repair (HDR, knock-in).

Using all of this information, we decided to target the *PHYA1* gene via the CRISPR/Cas9 system’s NHEJ (knockout) approach.

The aim of this research is to apply CRISPR/Cas9 technology to construct a genetic construction for the *Gossypium hirsutum* L. *PHYA1* gene.

A and D subgenomes of *G.hirsutum L.* contain the *PHYA1* nucleotide sequence, which was obtained from the NCBI and Ensembl Plants databases. Four functional exons and one non-functional exon have been detected in the target gene, according to analysis. PAM (Protospacer Adjacent Motif) compatibility, sgRNA placement, GC content, homopolymer avoidance, cleavage efficiency, and the likelihood of off-target cutting were among the criteria analyzed for

constructing sgRNAs using the CRISPR-P 2.0 bioinformatics tool. RNA Folding Prediction software was used to verify the secondary structure of sgRNAs.

Restriction enzyme analysis was used to confirm the predicted sgRNAs after they were gradually cloned into intermediate vectors. *Agrobacterium tumefaciens* strain *LB4404* was designed by transforming the final genetic construct. Plants were regenerated in this study using somatic embryogenesis, and molecular analyses were planned with the regenerant plants.

ASSEMBLY OF A CRISPR-CAS9 VECTOR TARGETING THE *ABA2* GENE IN GRASSES USING THE MOCLO MODULAR CLONING SYSTEM

Payizova Sh.

Plant Cell Laboratory, Faculty of Biosciences, Norwegian University of Life Sciences (NMBU).
e-mail: shirinoy.payizova@studenti.unitus.it

The ABA biosynthesis genes are key regulators of seed dormancy and germination, as they are involved in intermediate steps of abscisic acid (ABA) synthesis. Among these genes, *ABA2* (AT1G52340) in *Arabidopsis* has been extensively studied and has served as an attractive target for investigating dormancy-related mechanisms for over a decade. *ABA2* encodes a short-chain dehydrogenase/reductase (SDR1) enzyme that catalyzes the multi-step conversion of xanthoxin to abscisic aldehyde during ABA biosynthesis in this model species. However, *ABA2* has not been studied widely in grass species, making it an interesting target for loss-of-function analysis. CRISPR-Cas9 mutagenesis provides a direct approach to investigate its functional role; however, multiplex editing in monocots requires reliable assembly of complex, multi-component vectors. In this study, we examined the construction and verification of a CRISPR-Cas9 expression vector targeting the *Brachypodium sylvaticum* ortholog of the AT1G52340 gene

using a Modular Cloning (MoClo) system based on a plant codon-optimized zCas9i. Two guide RNAs (gRNAs) targeting *ABA2* were assembled using BsaI-mediated Golden Gate reactions with pAGM9037 as the template. The assembled gRNAs were inserted into Level 1 acceptor vectors pICH47751 and pICH47761. These constructs were transformed into *Escherichia coli* DH10B by heat shock transformation and selected on ampicillin-containing medium using blue/white screening with X-gal/IPTG. The Level 1 modules were verified by Sanger sequencing and subsequently assembled into the Level 2 acceptor vector pAGM65879 together with the pICH41780 end-linker. The final destination vector contained the *BAR* gene for Basta selection *in planta* and a kanamycin resistance marker for bacterial selection. Verified Level 2 constructs were amplified at the maxiprep scale for plant transformation. Transformation was performed using mature seed embryos, with the shoot apical meristem (SAM), located within the embryo, used as the target tissue. Excised embryos were transformed using a direct biolistic particle bombardment (gene gun) method.

Both *ABA2*-targeting gRNAs were assembled into Level 1 and Level 2 constructs; the success of assembly was confirmed by blue/white screening and Sanger sequencing. The correct insertion and orientation of the constructs were verified. The final multiplex CRISPR-Cas9 vector was successfully constructed and recovered at the maxiprep scale. The two completed constructs, containing dual *ABA2*-targeting gRNAs, plant codon-optimized zCas9i, and *BAR*/Basta selection components, provide ready-to-use tools for functional knockout studies of *ABA2* in *Brachypodium sylvaticum*. This study demonstrates the suitability of the MoClo system for the efficient construction of multiplex genome-editing vectors for monocot research. Future studies will focus on analyzing loss-of-function mutants in subsequent generations and evaluating potential phenotypic changes over time compared with appropriate control plants.

CONSTRUCTION OF *COMT* GENE EDITING VECTOR OF BELARUSIAN TOMATO VARIETIES BASED ON CRISPR/CAS9 TECHNOLOGY

[1]Puhachova I.G., [2]Li Chao.

[1]Belarusian State Order of the October Revolution and Red Banner of Labor Agricultural Academy;
[2]School of Life Sciences, Anhui Medical University Hefei China
e-mail: puhachova.irina@gmail.com

To precisely knock out the key melatonin synthesis gene *SlCOMT* in Belarusian tomato varieties and clarify its regulatory function in the tomato melatonin metabolic pathway, this study aimed to construct loss-of-function mutant vectors of the *SlCOMT* gene using the CRISPR/Cas9 gene editing system.

Taking Belarusian tomato (*Solanum lycopersicum*) as the experimental material, high-specificity and low off-target sgRNA targets were screened from the exon region according to the full-length sequence of *SlCOMT*. Specific primers were designed and synthesized, and valid edited fragments were obtained through primer annealing and fragment amplification. Based on the dual vector frameworks of pDC and pLYG, the sgRNA fragments targeting *SlCOMT* were ligated into the vector skeletons through restriction enzyme digestion, ligation and transformation to construct CRISPR/Cas9 recombinant gene editing vectors.

Identification via colony PCR, double restriction enzyme digestion and sequencing verification confirmed that the sgRNA sequences were accurately inserted into the vector skeletons without base mutations or fragment deletions, and specific CRISPR/Cas9 editing vectors targeting the *SlCOMT* gene of Belarusian tomato were successfully obtained.

This study efficiently constructed *SlCOMT* gene editing vectors using the pDC and pLYG vector systems, breaking the technical limitations of traditional gene

function research. It provides core experimental vectors for subsequent tomato genetic transformation, acquisition of *SlCOMT* knockout mutant lines, and systematic elucidation of the regulatory mechanism of *SlCOMT*-mediated melatonin synthesis, as well as reliable technical support for the analysis of tomato metabolic pathways and reverse verification of gene functions.

IDENTIFICATION OF *COMT* GENE IN BELARUSIAN TOMATO VARIETIES, CLONING AND OVEREXPRESSION VECTOR CONSTRUCTION

[1]Puhachova I.G., [2]Li Chao.

[1]Belarusian State Order of the October Revolution and Red Banner of Labor Agricultural Academy;
[2]School of Life Sciences, Anhui Medical University Hefei China
e-mail: puhachova.irina@gmail.com

Melatonin is a vital multifunctional signaling molecule and antioxidant in plants, which plays essential roles in the regulation of plant stress resistance, growth and development, and quality formation. Caffeic acid O-methyltransferase (COMT) acts as a key rate-limiting enzyme in the plant melatonin biosynthesis pathway.

To explore the elite gene resources of Belarusian tomato germplasms and clarify the biological function of the *COMT* gene in tomato melatonin synthesis, this study used Belarusian tomato varieties as experimental material. Referring to the genomic data of *Solanum lycopersicum*, specific primers were designed based on homologous sequence alignment, and the full-length coding sequence of the *SlCOMT* gene from Belarusian tomato varieties was successfully cloned via segmented amplification and splicing technology.

Sequence identification of the target gene was completed through nucleic acid sequencing and sequence alignment, and the sequence characteristics, evolutionary conservation, and protein structural and functional properties of this gene were clarified. Subsequently, the sequence-verified coding region fragment of *SlCOMT* was ligated into the plant overexpression vector skeleton pCXSN. After restriction enzyme digestion verification, colony PCR identification and sequencing rechecking, the plant overexpression vector of the *SlCOMT* gene was successfully constructed.

This study achieved the precise cloning of the *SlCOMT* gene from Belarusian tomato varieties and the efficient construction of its functional overexpression vector, which lays a solid experimental foundation for further exploring the molecular mechanism of *SlCOMT* regulating melatonin synthesis, stress response and quality improvement in tomato through gene overexpression technology, and provides novel candidate genes and vector materials for high-quality and stress-resistant molecular breeding of tomato.

EFFECT OF VARIOUS CONCENTRATIONS OF NaCl ON THE GROWTH ACTIVITY OF SALT-TOLERANT BACTERIAL STRAINS

Zakiryaeva S.I., Karimov H.X., Khamidova H.M., Shakirov Z.S.

Institute of Microbiology Academy of Sciences of the Republic of Uzbekistan.
e-mail: szakiryaeva@gmail.com

Soil salinization is one of the most pressing environmental and agronomic issues, significantly limiting crop productivity and reducing agricultural efficiency. According to international studies, the area of saline soils continues to increase due to climate change, poor irrigation practices, and anthropogenic pressure. This

problem is particularly acute in arid and semi-arid regions, including Uzbekistan, where a significant portion of irrigated land is characterized by varying degrees of salinity. One promising approach to increasing the resilience of agroecosystems to salt stress is the use of salt-tolerant rhizosphere bacteria (halotolerant PGPR). These microorganisms are able to maintain viability and metabolic activity at elevated salt concentrations, promoting plant growth by fixing atmospheric nitrogen, mobilizing poorly soluble phosphorus compounds, synthesizing phytohormones, producing exopolysaccharides, and mitigating the negative impacts of salt stress. The first step in selecting promising strains for the development of microbiological preparations is assessing their growth ability under varying salt loads. Studying bacterial growth activity in a liquid nutrient medium with varying sodium chloride (NaCl) concentrations allows us to determine the limits of their salt tolerance and adaptability, and identify the most promising strains for further study and practical use in bio-intensive agriculture.

The aim of the study was to evaluate the effect of different NaCl concentrations on the growth activity of salt-tolerant bacterial strains and to select the most promising cultures for the creation of microbiological preparations intended for use on saline soils.

The objects of the study were nine salt-tolerant bacterial strains (*Brevibacillus fluminis* 1, *Bacillus rugosus* 8, *B. rugosus* 9, *B. rugosus* 10, *B. endophyticus* 12, *B. rugosus* 14, *B. halotolerans* 27, *B. axarquiensis* 28, *B. proteolyticus* 33) isolated from saline soils of different regions of Uzbekistan and identified by the MALDI-TOF MS method. The strains were cultivated in a liquid peptone medium with a NaCl content of 0% (control), 5%, 7% and 10% for three days. Growth activity was assessed by the optical density of the culture liquid at a wavelength of 600 nm (OD_{600}).

The results showed that the studied strains varied significantly in their ability to adapt to different NaCl concentrations. Overall, it was established that the most favorable growth conditions for most strains were media containing 5-7% NaCl, while at a concentration of 10% NaCl, growth activity of some cultures decreased, indicating the stressful effects of high salt load. The most pronounced resistance to elevated salt concentrations was demonstrated by genus *B. rugosus*, which maintained vigorous growth in the presence of 5, 7, and 10% NaCl. The ability of these strains to actively grow both in a salt-free medium and at high NaCl concentrations indicates their pronounced halotolerance. Of particular interest is the *B. rugosus* 9 strain, which demonstrated the highest growth activity of all the studied cultures on the third day of cultivation. Optical density values were 1.279, 1.587 and 1.126 at concentrations of 5, 7, and 10% NaCl, respectively, exceeding control values and indicating the strain's high adaptation to salt stress. *B. axarquiensis* 28 and *B. proteolyticus* 33 demonstrated maximum growth activity in a medium without added NaCl, where optical density values reached 1.290 and 2.191, respectively, on the third day. As the NaCl concentration increased, a consistent decrease in their growth activity was observed: at 5% NaCl, the OD values were 0.848–1.243, at 7% NaCl – 0.260–0.770, and at 10% NaCl they decreased to 0.138–0.220. This indicates a lower tolerance of these strains to high salt concentrations compared to strains of the genus *B. rugosus*.

Thus, the study showed that *B. rugosus* 9 and *B. rugosus* 10 strains exhibit the highest salt tolerance, maintaining vigorous growth even at 10% NaCl. These strains are of greatest practical interest as potential components of microbiological preparations for use in saline soils.

THE IMPORTANCE OF BIOCHEMICAL INDICATORS IN EVALUATING COTTON TOLERANCE TO DROUGHT AND SALINITY STRESS

Lutpillayev G’.X., Maxmarajabov E.

Center of Genomics and Bioinformatics Academy of Sciences of the Republic of Uzbekistan.
e-mail: lutpillayev96@gmail.com

Drought and soil salinity are among the major abiotic stresses limiting cotton productivity worldwide. This study is being conducted within the framework of a scientific research project at the Marker-Assisted Selection (MAS) Laboratory of the Center of Genomics and Bioinformatics. The aim of the research is to evaluate the biochemical responses of cotton genotypes exposed to drought and salinity stress and to identify stress-tolerant genotypes.

Abiotic stress enhances oxidative processes in plant cells, resulting in membrane damage. Malondialdehyde (MDA), a product of lipid peroxidation, is widely used as an indicator of oxidative damage. Increased MDA content reflects the severity of stress-induced cellular injury. In contrast, peroxidase (POD) is an essential antioxidant enzyme involved in scavenging reactive oxygen species. Higher POD activity in tolerant genotypes indicates a more efficient antioxidant defense system and improved adaptation to adverse environmental conditions.

Changes in total soluble protein content also reflect the metabolic status of plants under stress. Maintenance or accumulation of protein content in tolerant cotton genotypes suggests enhanced synthesis of protective proteins and better physiological adaptation. The combined assessment of total protein content, POD activity, and MDA level provides reliable biochemical criteria for screening drought- and salinity-tolerant cotton genotypes. These indicators complement marker-assisted selection and contribute to the development of new cotton cultivars with improved tolerance to abiotic stresses.

SUBSTANTIAL EQUIVALENCE ASSESSMENT THROUGH COMPARATIVE ANALYSIS OF POTENTIAL UNINTENDED EFFECTS ASSOCIATED WITH GENETIC MODIFICATION IN RNAi_FRS10 COTTON SEEDS

Mamatkulova Sh.H., Kamburova V.S., Isomiddinova O.L., Norbekov J.K.

Center of Genomics and Bioinformatics of the Academy of Sciences of the Republic of Uzbekistan.
e-mail: venera.k75@gmail.com

Substantial equivalence assessment provides the comparative starting point for the biosafety evaluation of genetically modified crops by identifying changes in the final product that may require further investigation. Cottonseed is particularly relevant because it enters food and feed chains as oil, meal, and other processed products. The present study compared seeds of the transgenic RNAi_FRS10 cotton line, generated by RNA interference-mediated suppression of the FRS10 gene, with seeds of its recipient line, *Gossypium hirsutum* L. cv. Coker-312.

For each line, a bulk seed lot collected from multiple plants was randomly divided into five groups of 100 seeds, each treated as a composite biological replicate. Three technical measurements were averaged for each replicate. The assessment covered total protein and nitrogen, protein fractions, carbohydrates, starch, fatty acids, lipid- and water-soluble vitamins, mineral elements, gossypol, total polyphenols, and qualitative phytochemical profiles. Results were compared using an unpaired two-tailed Student's t-test at $p \leq 0.05$.

Most compositional characteristics were comparable between the lines. Total protein was lower in RNAi_FRS10 than in Coker-312 seeds (31.12 ± 1.23% versus 35.63 ± 1.52%), whereas total nitrogen did not differ significantly. Albumin, globulin, glutelin, and prolamin contents were higher in RNAi_FRS10, while its lower residual protein fraction accounted for the reduction in total protein. Fatty

acid composition and soluble carbohydrate and starch contents did not differ significantly.

Total carotenoid content in cottonseed oil was higher in RNAi_FRS10 than in Coker-312 (63.39 ± 2.80 and 32.03 ± 1.90 mg/100 g oil, respectively), whereas total tocopherol content was comparable. Thiamine, riboflavin, and ascorbic acid were not detected in either line; pyridoxine and niacin were present at low and comparable levels. No significant differences were detected in the investigated macroelements or trace elements.

Gossypol content was significantly lower in RNAi_FRS10 than in Coker-312 seeds (0.726 ± 0.020% versus 0.912 ± 0.030%), while total polyphenol content did not differ. Qualitative screening revealed identical profiles for the investigated classes of secondary metabolites. Thus, no increase in the evaluated antinutritional potential of RNAi_FRS10 seeds was observed.

Substantial equivalence does not require identity between a genetically modified line and its conventional counterpart. The detected differences must instead be interpreted according to their direction, biological relevance, and relationship to other measured characteristics. In the present study, the lower total protein content reflected a redistribution among protein fractions rather than a uniform reduction in seed protein. The higher total carotenoid content did not indicate reduced nutritional value, and the lower gossypol content did not suggest increased antinutritional potential. These differences were not accompanied by consistent changes in related compositional or nutritional parameters.

The identified differences were confined to total protein and protein fraction distribution, total carotenoids, and gossypol. They were not accompanied by coordinated changes indicating reduced nutritional value or increased toxic or antinutritional potential. Within the investigated compositional, nutritional, and safety-related characteristics, RNAi_FRS10 cotton seeds therefore meet the criteria

for substantial equivalence to Coker-312 seeds. These findings provide a comparative compositional basis for subsequent stages of comprehensive biosafety assessment.

PLANT BREEDING THROUGH THE LENS OF BIOSAFETY: FROM CONVENTIONAL METHODS TO MODERN GENETIC ENGINEERING TECHNOLOGIES

Mamatkulova Sh.H., Kamburova V.S., Isomiddinova O.L., Norbekov J.K.

Center of Genomics and Bioinformatics of the Academy of Sciences of the Republic of Uzbekistan.
e-mail: venera.k75@gmail.com

Plant breeding must deliver crop varieties combining productivity, resilience, and quality under climate change and resource limitation. The transition from hybridization and induced mutagenesis to transgenesis, cisgenesis, RNA interference, and genome editing has expanded attainable genetic variation while complicating comparison of the resulting plants. This review examined the breeding continuum through a common biosafety-oriented framework, relating the source, scale, directionality, and predictability of genetic changes to the evidence required to assess the final plant.

The analysis compared conventional breeding, distant introgression, induced mutagenesis, genetic transformation, cisgenesis, intragenesis, RNA interference, and genome editing. For each approach, the origin and distribution of variation, control over the intended change, accompanying changes, biological novelty and complexity of the trait, and plausible pathways of impact on humans, animals, and the environment were considered. The assessment logic was related to the final plant rather than to the technological label alone.

Conventional breeding and mutagenesis generate broad variation from which the desired phenotype is selected. Hybridization may retain linked alleles and cause linkage drag, while distant introgression may transfer donor-genome segments with the target allele. The available gene pool is constrained by domestication bottlenecks, inbreeding, and repeated use of elite parents. Physical and chemical mutagenesis is not directed to a selected gene and may produce substitutions, rearrangements, and other variants requiring selection, inheritance testing, and backcrossing.

Genetic transformation overcomes sexual incompatibility and permits introduction of natural, distant, or synthetic sequences, increasing predictability of the intended product. However, the phenotype depends on the particular transformation event, including integration site, copy number, insert structure, rearrangements, expression, regeneration, and genetic background. The same principle applies to cisgenic, intragenic, and RNA interference-based plants. Genome editing restricts the expected region of change, but SDN-1, SDN-2, SDN-3, base editing, prime editing, and multiplex editing can produce outcomes differing in scale and biological novelty. Off-target changes, on-target rearrangements, somaclonal variation, and context-dependent effects may remain relevant, especially when regulatory networks or metabolic pathways are modified.

Technological categories do not coincide with the characteristics of resulting plants. Hybridization and mutagenesis can generate changes from single-nucleotide substitutions to extensive rearrangements, whereas transformation and genome editing can produce traits with different biological novelty. The production method indicates likely sources of variation and the initial focus of investigation, but it is not an independent risk class. Biosafety assessment should integrate the process with the structure, stability, function, expression, phenotype, intended use, and plausible pathways to adverse effects of the final plant. The scope of evidence

should be proportionate to trait novelty, complexity, and the plausibility of a significant impact.

Plant breeding is a continuum of approaches differing in the directionality and localization of genetic intervention, the available molecular information, and the sources of residual uncertainty. Neither conventional origin nor molecular precision alone determines biosafety. As multiplex editing and pathway engineering expand the diversity of outcomes, assessment should match the evidence to the properties and intended use of the final plant, expanding investigation when novel functions, products, or pathways of potential impact arise.

DETERMINATION OF ACUTE TOXICITY AND LD_{50} OF RNAi COTTON LINES

Mamatkulova Sh.H., Kamburova V.S., Isomiddinova O.L.

Center of Genomics and Bioinformatics of the Academy of Sciences of the Republic of Uzbekistan.
e-mail: shahnozamamatkulova1989@gmail.com

In accordance with international guidelines, the initial stage in assessing the overall toxicity of genetically modified organisms (GMOs) involves the evaluation of acute toxicity, including the determination of the median lethal dose (LD_{50}). This study aimed to investigate the comparative acute toxicity of processed seed products from genetically modified cotton.

Given the limited available data on the toxicological properties of new cotton lines upon intake, the first phase of experimental research on novel chemical substances necessitates acute exposure studies in warm-blooded animals. We examined the toxicological characteristics of three cotton lines (two transformed GM cotton lines: RNAi_FRS10 and pSyn-FoSTUA, and one control line: Coker-312) following a single enteral administration. The cotton seeds were ground in a mortar and mixed with distilled water to form a suspension, which was

administered at doses of 2000, 3500, and 5000 mg/kg body weight. The experimental design and procedures for acute toxicity assessment adhered to the OECD Guidelines for the Testing of Chemicals. The observation period for the test animals, as stipulated by the OECD, lasted 14 days.

Immediately after administration, no signs of distress were observed in the animals, although they exhibited clustering behavior. Within three hours, the animals consumed feed willingly and responded actively to stimuli. No signs of intoxication or mortality were recorded during the subsequent 14-day observation period. Body weight gain remained stable, and no clinical manifestations of poisoning or accumulation of the tested cotton line samples were detected.

Thus, the median lethal dose (LD_{50}) for the three cotton lines (two GM-transformed lines and one control line) was not reached in the experimental animals (Table 3.1). No sex-dependent differences in sensitivity to the cotton samples were observed. To evaluate the toxicokinetic properties of the four cotton lines, morphological blood parameters were assessed at 2 hours, 24 hours, 72 hours, 7 days, and 14 days post-administration. The results indicated a transient tendency toward alterations in leukocyte count and amylase transferase levels 2 hours after dosing. However, within 24 hours, all hematological parameters returned to baseline values. Based on these findings, the most informative blood indicators for long-term monitoring were identified. Analysis of the experimental data from single intragastric administration of the three cotton lines (two GM-transformed lines and one control line) supports the conclusion that these materials are non-toxic in acute exposure settings. In summary, post-acute exposure observations indicate that the three cotton lines (two GM-transformed lines: RNAi_FRS10 and pSyn-FoSTUA, and one control line: Coker-312) can be classified as low-hazard substances (Category IV according to GOST 12.1.007) and are not classified as toxic (Category 5 under OECD Guidelines).

MUNDARIJA

1. GENOMIKA VA BIOINFORMATIKA

Aliyeva D.A., Ablakulova N.A., Qo’shiyev H.H. *SENNA* MILL. TURKUMINING MOLEKULYAR IDENTIFIKATSIYASI: ZAMONAVIY TADQIQOTLAR TAHLILI	7
Arslanov D.M., Xalokov Q.K. G‘O‘ZA NAVLARINING GENETIK XILMA-XILLIGI VA UNI O‘RGANISHNING ZAMONAVIY USULLARI	10
Boboqulov M.Sh., Abdullayev A.K., Saimnazarov Y.B., Orifjonova U.A. Khalilov I.M. Qobilov F.B. Aliyev Z.Z. NGS MA’LUMOTLARI ASOSIDA BAKTERIAL GENOM ASSEMBLY JARAYONI	12
Butaev M. BUG'DOYDA BRASSINOSTEROID GORMONI BIOSINTEZIDA ISHTIROK ETUVCHI GENLARNING FUNKSIONAL TAHLILI	15
Ergasheva S.M., Aripov A.N., Axundjanova L.L. Ibragimova SH.D., O‘rinboyev I.R. ILLUMINA TEXNOLOGIYASI ASOSIDA DNK SEKVENSLASH VA BIOINFORMATIK TAHLILNING MOLEKULYAR-GENETIK DIAGNOSTIKADAGI O‘RNI	16
Murodov A.A., Ayubov M.S., Mirzakhmedov M.H., Mamajonov B.O., Yusupov A.N., Obidov N.Sh. Bashirxonov Z.H., Kamalova L.X., Buriyev Z.T. CRISPR/Cas9 TADQIQOTLARI UCHUN OPTIMAL gRNK TANLASH	18
O‘skanov A.Z., Shavkiev J.SH. SITRUS EKINLARIDA GUL TO‘KILISHINI REGULYATSIYA QILUVCHI NOMZOD GENLAR VA ULARNING MOLEKULYAR MEXANIZMLARI	20
O‘skanov A.Z., Shavkiev J.SH. SITRUS EKINLARIDA GULLAR VA MEVA TUGUNCHALARINI SAQLAB QOLISHNI TARTIBGA SOLUVCHI NOMZOD GENLARNING MOLEKULYAR MEXANIZMLARI	22
Qahhorova N.O‘. BIOINFORMATIK USULLAR YORDAMIDA O‘SIMLIK GENLARINING TUZILISHI VA FUNKSIONAL TAHLILI	24

Аллаярова М.М. МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА ПРЕДСТАВИТЕЛЕЙ РОДОВ *CARABUS* И *ADALIA*	25
Аскарова З.Р., Шеримбетов А.Г., Рузметов Д.Р., Рамазонов Ж.Д. Бойкобилов Ж.Б. МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ИДЕНТИФИКАЦИЯ ШТАММОВ *FUSARIUM ACUMINATUM* И *FUSARIUM EQUISETI*, ВЫДЕЛЕННЫХ ИЗ БОЛЬНЫХ ОБРАЗЦОВ ПШЕНИЦЫ В УЗБЕКИСТАНЕ	27
Базаров Д.К., Мирзабаев Д.А., Салахутдинов И.Б., Раджапов Ф.С. GENEPURITY ANALYZER: АВТОМАТИЗИРОВАННЫЙ ИНСТРУМЕНТ ДЛЯ РАСЧЕТА ГЕНЕТИЧЕСКОЙ ЧИСТОТЫ СОРТООБРАЗЦОВ	29
Верчук А.Н., Кубрак С.В., Кильчевский А.В. СРАВНИТЕЛЬНАЯ ОЦЕНКА ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКОЙ ИНФОРМАТИВНОСТИ МАРКЕРОВ RBCL И PSBA-TRNH ДЛЯ ВИДОВОЙ ИДЕНТИФИКАЦИИ РОДА RANUNCULUS L.	31
Кильчевский А.В., Тожибаев К.Ш., Кубрак С.В., Верчук А.Н., Савина Н.В., Юсупов З.О., Никитина Е.В. ИТОГИ И ПЕРСПЕКТИВЫ СОТРУДНИЧЕСТВА БЕЛАРУСИ И УЗБЕКИСТАНА В МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИХ ИССЛЕДОВАНИЯХ ФЛОРЫ	33
Мирзабаев Д.А., Салахутдинов И.Б., Камбурова В.С., Раджапов Ф.С., Усмонов Д.Э. ИНТЕГРАЦИЯ ГЕНОМНЫХ И АМПЕЛОГРАФИЧЕСКИХ ДАННЫХ: НОВЫЕ ПОДХОДЫ К ИЗУЧЕНИЮ И ПАСПОРТИЗАЦИИ ВИНОГРАДА УЗБЕКИСТАНА	36
Мирзабаев Д.А., Салахутдинов И.Б., Камбурова В.С., Раджапов Ф.С., Усмонов Д.Э. ИНДЕКС MGIDI В СЕЛЕКЦИИ РАСТЕНИЙ (НА ПРИМЕРЕ ОТБОРА СОЛЕУСТОЙЧИВЫХ СОРТОВ ХЛОПЧАТНИКА)	38
Раджапов Ф.С., Тожибоева Д.И., Мирзабаев Д.А., Базаров Д.К.,В.С. Камбурова, Салахутдинов И.Б. ЛАБОРАТОРНАЯ КОЛЛЕКЦИЯ ФИТОПАТОГЕНОВ РОДА *Fusarium* КАК НАУЧНО-МЕТОДИЧЕСКАЯ ПЛАТФОРМА ДЛЯ МОЛЕКУЛЯРНОЙ ИДЕНТИФИКАЦИИ И МОНИТОРИНГА	40

Раджапов Ф.С., Салахутдинов И.Б., Тожибоева Д.И., Мирзабаев Д.А., Базаров Д.К., Камбурова В.С. КОМПЛЕКСНАЯ ОЦЕНКА СОЛЕУСТОЙЧИВОСТИ СОРТОВ ХЛОПЧАТНИКА (*Gossypium hirsutum* L.) С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ МОРФОМЕТРИЧЕСКИХ И МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИХ ПОДХОДОВ	42
Рамазонов Ж.Д. Аскарова З.Р., Шеримбетов А.Г., Рузметов Д.Р., Бойкобилов Ж.Б. МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЙ ДИАГНОСТИКА И ОПТИМИЗАЦИЯ ПЦР-АМПЛИФИКАЦИИ ГРИБОВ РОДА *FUSARIUM* В УЗБЕКИСТАНЕ	44
Ризаев Д.М., Зиявитдинов Ж.Ф., Олимжонов Ш.С., Ишимов У.Ж., Халбекова Х.У., Аманова Г.И., Шеримбетов С.Г. *ATRIPLEX MICRANTHA* ЎСИМЛИГИНИНГ ҚУРҒОҚЧИЛИК СТРЕССИГА ЖАВОБ БЕРУВЧИ DREB2A ГЕНИ СЕКВЕНСИ ВА AP2/ERF ДОМЕНИ ТАХЛИЛИ	45
Тожибоева Д.И., Салахудинов И.Б., Ражапов Ф.С. РОЛЬ ГЕНОВ CBL10, CIPK8 И PKS5, УЧАСТВУЮЩИХ В ФОРМИРОВАНИИ СОЛЕУСТОЙЧИВОСТИ ХЛОПЧАТНИКА	47
Тожибоева Д.И., Салахудинов И.Б., Ражапов Ф.С. SOS-ГЕНЫ И МОЛЕКУЛЯРНЫЕ МЕХАНИЗМЫ СОЛЕУСТОЙЧИВОСТИ ХЛОПЧАТНИКА (*GOSSYPIUM SPP.*)	49
Aripova T.U., Ziyadullaev Sh.Kh., Ismailova A.A., Raximjonov A.A., Talipova A.A., Kasimova M.S., Karimova D.S., Akbarov U.S., Sher L.V., Rozumbetov R.J. TRANSCRIPTIONAL EXPRESSION OF INFLAMMATION-RELATED GENES IN PATIENTS WITH SHARPIN AND HOIP DEFICIENCIES	51
Dulanazarov A.A., Turaev O.S., Ziyaev Z.M. ADVANCED GENOMIC STRATEGIES AND MOLECULAR MECHANISMS FOR ACCELERATING EARLY MATURITY BREEDING IN MUNGBEAN (*Vigna radiata* (L.) WILCZEK)	52
Kayumova R.A., Dadakhonova M.B., Yakubov I.T., Shakirov Z.S., Urlacher V.B. NON-CODING RNAs OF THE LOCAL *RAHNELLA* Uzb4 STRAIN.	54
Khudoyberdieva S.A., Akhmedova Z.R., Kadirova G.Kh. MOLECULAR IDENTIFICATION BASED ON THE 16S rRNA GENE AND BIOTECHNOLOGICAL POTENTIAL OF BACTERIA ISOLATED FROM THE SHARGUN COAL MINE	56

Mirzabaev D.A., Kamburova V.S., Salakhutdinov I.B., Rajabov F.S., Shermatov Sh.E., Tojiboeva D.I., Nazarova E.F., Bazarov D.K. INTEGRATION OF MORPHOLOGICAL AND TRANSCRIPTIONAL TRAITS IN THE ASSESSMENT OF COTTON ADAPTATION TO SALINITY	58
Nazarova E.F., Kamburova V.S., Salakhutdinov I.B., Mirzabaev D.A., Rajabov F.S., Shermatov Sh.E., Tojiboeva D.I., Bazarov D.K. MORPHOLOGICAL ARCHITECTURE OF THE EARLY COTTON RESPONSE TO SALT STRESS	60
Rajabov F.S., Kamburova V.S., Salakhutdinov I.B., Mirzabaev D.A., Shermatov Sh.E., Tojiboeva D.I., Nazarova E.F., Bazarov D.K. GENOTYPE-SPECIFIC TRANSCRIPTIONAL ORGANIZATION OF THE COTTON RESPONSE TO SALINITY	61
Salakhutdinov I.B., Kamburova V.S., Mirzabaev D.A., Rajabov F.S., Shermatov Sh.E., Tojiboeva D.I., Nazarova E.F., Bazarov D.K. GENOTYPE- AND CONTEXT-DEPENDENT EFFECTS OF BIOSTIMULATORS ON THE COTTON GENE–TRAIT SYSTEM	62
Shermatov Sh.E., Kamburova V.S., Salakhutdinov I.B., Mirzabaev D.A., Rajabov F.S., Tojiboeva D.I., Nazarova E.F., Bazarov D.K. BIOSTIMULATOR-INDUCED RESTRUCTURING OF COTTON GENE EXPRESSION UNDER SALINITY	64
Turaev O.S., Alijonova M.T., Makhmudova M.U., Kimsanova N.B., Norov T.M., Nazirov M.L.M., Kurbonov A.Y., Ziyaev Z.M., Kushanov F.N. MOLECULAR RECONSTRUCTION OF CEREAL GENOMIC ARCHITECTURE TO ENHANCE CLIMATE RESILIENCE AND PRODUCTIVITY	65
Turaev O.S., Ilyosiddinova K.A., Teshaeva F.I., Eshonkulova D.Sh., Norov T.M., Kurbonov A.Y., Ziyaev Z.M., Kushanov F.N. PRECISION METABOLIC ENGINEERING AND *DE NOVO* DOMESTICATION: THE CRISPR/CAS PARADIGM FOR SUSTAINABLE OILSEED IMPROVEMENT	67

2. GENETIKA VA MOLEKULYAR BIOLOGIYA

Abduazimova D.Sh., Gayibova S.N., Nasyrova G.B., Urazova M.N. *AJUGA TURKESTANICA* (REGEL) BRIQ. NING *IN VITRO* REGENERANTLARIDA SSR MARKERLARI ASOSIDA GENETIK BARQARORLIKNI BAHOLASH	70
Abdug‘afforov A.T., Shermatov Sh.E., Usmanov D.E., Buriyev Z.T. *ESB1* GENI GOMOLOGLARINI G‘O‘ZADA (*GOSSYPIUM HIRSUTUM* L.) BIOINFORMATIK IDENTIFIKATSIYA QILISH VA MOLEKULYAR TAVSIFLASH	72
Abdullaev S., Ubaydullaeva H., Abdullaev A., Babadjanova F., Yusupov H., Eshmurzaev J., Buriev Z. TOK (*VITIS VINIFERA L.*) NAVLARINING SUV TANQISLIGNI BAHOLASHDA KSILEMA EMBOLIYASINING AHAMIYATI	73
Aminjonov H.H., Adilov B.Sh., Sherimbetov A.G., Ramazonov J.D., Boyqobilov J.B., Asqarova Z.R. *G. HIRSUTUM* L. TURIGA MANSUB G‘O‘ZA NAVLAR VA LINIYALARNI *HSP70-26* GENINI MOLEKULYAR MARKERLAR ASOSIDA GENOTIPLASH	74
Arslanova S.K., Rafiyeva F.U., Iskandarov A.A., Muhammadiyev A.O., Ziyayev A., Jummayeva M., Kushanov F.N. GENOMLARARO [(A1×G) × AD1] MURAKKAB F_1 DURAGAYLARINING MORFOBIOLOGIK TAVSIFI	77
Arzikulov I.A., Yuldoshov U.Kh., Sindarov B.A., Kholikov A.N. STUDYING SOME PHYSIOLOGICAL RESPONSES OF DIFFERENT POMEGRANATE (*PUNICA GRANATUM* L.) VARIETIES UNDER DROUGHT STRESS TO DETERMINE DROUGHT TOLERANCE	79
Babadjanova F.I., Ubaydullaeva X.A., Eshmurzayev J.B., Orifjonova U.A., Abdullaev A.N., Yusupov H.N., Abdullaev S.A., Buriyev Z.T. O‘SIMLIKLARDA ABIOTIK STRESSGA JAVOB BERUVCHI GENLAR VA ULARNI MOLEKULYAR TAHRIRLASH USULLARI	81
Babadjanova F.I., Ubaydullaeva X.A., Eshmurzayev J.B., Abdullaev A.N., Buriyev Z.T. FITOXROM GENLARI ORQALI FOTOMORFOGENEZ VA STRESS JAVOB REAKSIYALARINING MUVOFIQLASHUV MEXANIZMLARI	83

Boyqobilov U.A., Khusenov N.N., Norbekov J.K., Normamatov I.S., Mamanazarov Sh.I., Muxammadaliyev R.I. QURG‘OQCHILIK MUHITIDA *G. HIRSUTUM* L. TURIGA MANSUB G‘O‘ZA NAMUNALARNING FIZIOLOGIK BELGILARINI TAHLILI	85
Eshmuradova A A. Seitnazarova T.E. BAHORGI YUMSHOQ BUG‘DOY (*Triticum aestivum* L.) GENOTIPLARINING BIOKIMYOVIY KO‘RSATKICHLARINI BAHOLASH	86
Isomiddinova O.L., Kamburova V.S., Usmanov D.E., Mamatkulova Sh.X. TURLI G‘O‘ZA NAVLARI URUG‘LARINING METABOLIK PROFILLANISHI	89
Умирова Л.Ф., Аманов Б.Х. *PHASEOLUS AUREUS* L *(VIGNA RADIATA)* ТУРИГА МАНСУБ МОШ ЎСИМЛИГИНИ БОШЛАНҒИЧ МАНБАЛАР ВА $Ғ_1$-$Ғ_2$ ЎСИМЛИКЛАРИДА ФОТОСИНТЕТИК ПИГМЕНТЛАРДАН ХЛОРОФИЛЛ “А” МИҚДОРИНИ ИРСИЙЛАНИШИ ВА ЎЗГАРУВЧАНЛИГИ	91
Kamolova M.Z., Xolmatov B.R. MARKAZIY QIZILQUM *BLAPS* TURLARINI MOLEKULYAR IDENTIFIKATSIYA QILISHDA COI MARKERINING QO‘LLANILISHI	94
Juraqulov D.S., Usmanov D.E., Xusanbayeva Sh.R., Ergasheva S.I., Murodullayeva N.O., Nuriddinova M.T., Buriyev Z.T. G‘O‘ZA (*G.HIRSUTUM*) DA KRIPTOXROM (*CRY*) GENLARI FUNKSIYASINI RNKi TEXNOLOGIYASI YORDAMIDA TADQIQ ETISH	96
Kadirova Sh.B., Rahmatova N.R., Imamxodjayeva A.S., Yakubov M.M. G‘O‘ZA NAVLARINING SHO‘RGA CHIDAMLILIGINI PROLIN AMINOKISLOTASI ASOSIDA BAHOLASH	97
Yuldosheva J.X. QASHQADARYO VESPIDAFAUNASI *VESPA CRABRO* (LINNAEUS, 1758)TURINING MOLEKULYAR - GENETIK TAHLILI	99
Karimova N.A. G‘O‘ZA TIZMALARINING HOSILDORLIK TAHLILI	101
Makamov A.X., Xusenov N.N., Yuldoshxonov A.A., Norbekov J.K., Normamatov I.S., Boyqobilov U.A., Xolmuradova M.M., Mamanazarov Sh.I., Muxammadaliyev R.I., Shavqiyev J.SH., Buriev Z.T. MAHALLIY G‘O‘ZA (*GOSSYPIUM HIRSUTUM* L.) NAVLARINING QURG‘OQCHILIKKA CHIDAMLILIK BELGILARINI SSR MARKERLAR ASOSIDA ASSOTSIATSION XARITALASH	103

Makamov A.X., Norbekov J.K., Normamatov I.S., Boyqobilov U.A., Shavqiyev J.SH., Buriev Z.T. G‘O‘ZA (*GOSSYPIUM HIRSUTUM* L.) GENOTIPLARINING QURG‘OQCHILIKKA CHIDAMLILIGINI FIZIOLOGIK VA AGRONOMIK BELGILAR ASOSIDA KOMPLEKS BAHOLASH	105
Mamajanov A.B., Darmanov M.M., Normamatov I.S., Xusenov N.N., Muxammadaliyev R.I. TURLI KONSENTRATSIYALARDAGI NaCl STRESSI TA’SIRIDA MAHALLIY G‘O‘ZA NAMUNALARINING NIHOLLIK DAVRIDAGI MORFOLOGIK BELGILARINI BAHOLASH	108
Mamajonov B.O., Ayubov M.S., Yusupov A.N., Murodov A.A., Obidov N.Sh., Bashirxonov Z.H. G’O’ZANING (*Gossypium hirsutum* L) SynHY5 VA ANDIJON-35 DURGAY LINIYALARIDA TOLA SIFAT KO’RSATKICHLARINI BAHOLASH	109
Mamajonov B.O, Ayubov M.S, Yusupov A.N, Murodov A.A, Obidov N.Sh, Bashirxonov Z.H, Muhammadov Y.A. G‘O‘ZADA (*GOSSYPIUM HIRSUTUM* L.) HY5 GENI RNAi LINIYALARIDA ABIOTIK STRESSLARGA EPIGENETIK MOSLANISH MEXANIZMLARINI TAHLIL QILISH	111
Mardonova M.R. Meliev S.K. Shokirova D.Sh. BUG‘DOY HOSILDORLIGINI OSHIRISHNING ILMIY ASOSLARI VA SAMARALI YO‘LLARI	114
Muhammadov Y.A., Mamanazarov Sh.I. O‘RTA TOLALI “RAVNAQ-1” G‘O‘ZA NAVI SINOV NAMUNALARNING BIR ChANOQDAGI PAXTA OG‘IRLIGI VA TOLA ChIQIMI KO‘RSATKIChLARI	116
Murodullayeva N.O., Toshmuxammedova Sh.S., Usmanov D.E., Abdukarimov Sh.S., Xusanbayeva SH.R., Nuriddinova M.T., Ergasheva S.I. GERBITSIDLARGA CHIDAMLILIKNING SHAKLLANISH MEXANIZMLARI VA ULARNING MOLEKULYAR ASOSLARI	118
Muxammadaliyev R.I., Makamov A.X., Normamatov I.S., Xolmuradova M.M., Mamajanov A.B., Xusenov N.N., Norbekov J.K., Maxmarajabov E.J. QURG‘OQCHILIK STRESSI TA’SIRIGA G‘O‘ZA RIL POPULYATSIYASINING AGROMORFOLOGIK VA FIZIOLOGIK JAVOBLARI	120

Nabiev S.M., Xamdullaev Sh.A. G‘O‘ZANING YANGI IRSIY ASOSGA EGA TIZMALARI VA NAVLARINING TOLA CHIQIMI VA TOLA UZUNLIGI BO‘YICHA SUV TANQISLIGIGA GENOTIPIK REAKSIYALARI	122
Nabiyev S.M., Matniyazova H.X., Karshibaeva D., Xamdullaev Sh.A. TURLI RANGLI G‘O‘ZA NAMUNALARI VA ULARNING F_1 DURAGAYLARIDA UMUMIY XLOROFILL MIQDORINING IRSIYLANISHI	124
Nabiev S.M., Xamdullaev Sh.A. G‘O‘ZANING TURLARARO VA TURICHI TIZMALARI VA NAVLARINING O‘SIMLIK MAHSULDORLIGI BO‘YICHA SUV TANQISLIGIGA GENOTIPIK REAKSIYALARI	126
Normamatov I.S., Makamov A.X., Boyqobilov U.A., Mamajanov A., Muxammadaliyev R.I., Buriev Z.T. G‘O‘ZADA GENOM BO‘YLAB ASSOTSIATSIYA TADQIQOTLARINING (GWAS) RIVOJLANISH BOSQICHLARI VA KELGUSIDAGI ISTIQBOLLARI	128
Oripova B.B., Rafiyeva F.U., Arslanova S.K., Xidirboyeva S.O., Kushanov F.N. SOVUQ ATMOSFERALI PLAZMA TA’SIRIDA QISHLOQ XO‘JALIGI EKINLARINING GENETIK-SELEKSION SAMARADORLIGINI OSHIRISH	130
Raxmanov B.K., Buriyev Z.T., Ubaydullayeva X.A., Shermatov Sh.E., Abduraxmonov I.Y. *ARTEMISIA ANNUA CADS* GENINI OVEREKSPRESSIYALASH ORQALI ILK BOR ARTEMIZININ SINTEZLOVCHI G‘O‘ZA (*GOSSYPIUM HIRSUTUM* L.) GENOTIPLARINI OLISH	132
Raxmatova N.R., Imamxodjaeva A.S., Kamburova V.S., Qodirova Sh.B. G‘O‘ZA NIHOLLARIDA TUZLI STRESS VA OKSIDLANISH HAMDA ANTIOKSIDANT HIMOYA	133
Raxmatova N.R., Imamxodjayeva A.S., Qodirova Sh.B. G‘O‘ZADA (*GOSSYPIUM SPP*.) SHO‘RLANISHGA CHIDAMLILIK MEXANIZMLARINI O‘RGANISHDA METABOLOMIK TAHLILNING AHAMIYATI	135

Safiullina A.K., Ernazarova D.Q., Kushanov F.N. O‘ZBEKISTON SHAROITIGA INTRODUKSIYA QILINGAN GOLUBIKA (*VACCINIUM* L.) NAVLARINING MORFOLOGIK XUSUSIYATLARI	136
Safiullina A.K., Ernazarova D.Q., Amanboyeva R.S., Kushanov F.N. TOLA CHIQIMI KO‘RSATKICHLARINI IRSIYLANISHI VA O‘ZGARUVCHANLIGI	139
Salimova S.Sh., Rasulova G.U., Erjigitov D.Sh., Kushanov F.N. ARPADA (*HORDEUM VULGARE* L.) QURG‘OQCHILIKKA CHIDAMLILIKNI BAHOLASHDA MOLEKULYAR MARKERLAR VA STRESSGA JAVOB GENLARNING AHAMIYATI	141
Sharifjonov A.A., Usmanov D.E., Xusanbayeva Sh.R., Ergasheva S.I., Murodullayeva N.O., Nuriddinova M.T., Buriev Z.T. *GOSSYPIUM HIRSUTUM* L. O‘SIMLIGIDA FAR1-RELATED SEQUENCE (FRS) GENLARINING YORUG‘LIK SIGNALIGA JAVOB MEXANIZMI	143
Shokirova D.Sh., To‘raqulov X.S., Meliev S.K., Bozorov T.A., Aytenov I.S., Dolimov A.A., Ochilov B.O., Xalilellayeva G.O., Murodova S.M., Mardonova M.R. O‘ZBEKISTONDA EKILAYOTGAN YUMSHOQ BUG‘DOY NAVLARIDA SARIQ ZANG KASALLIGINI DALA SHAROITIDA FENOTIPIK BAHOLASH	145
Soqiboyeva D.B., Erjigitov D.Sh., Ernazarova D.Q., Kushanov F.N. YUMSHOQ BUG‘DOY (*TRITICUM AESTIVUM* L.) NAV VA LINIYALARIDA POYA MUSTAHKAMLIGINING MOLEKULYAR-ANATOMIK VA GENETIK XUSUSIYATLARI	146
Tagayeva L.X., Jabbarov Sh.Sh., Bozorov N.I., Normurodova Q.T. INULA HELENUIM DORIVOR O‘SIMLIGIDAN AJRATILGAN *BREVIBACILLUS PANACIHUMI* – UZMU 26 BAKTERIYA SHTAMMINING MOLEKULYAR-GENETIK TAHLILI	148
Tagayeva L.X. *BACILLUS SUBTILIS*-IH 25 BAKTERIYA SHTAMMINING MOLEKULYAR-GENETIK TAHLILI	150
Tojiboeva D.I., Kamburova V.S., Salakhutdinov I.B., Mirzabaev D.A., Rajabov F.S., Shermatov Sh.E., Nazarova E.F., Bazarov D.K. MORPHOLOGICAL EFFECTIVENESS OF BIOPREPARATIONS UNDER SALT STRESS IN COTTON GENOTYPES	152

Toshboyeva M.J., Arslanova S.K., Xolova M.D., Mamatqulova G.F., Kushanov F.N. G‘O‘ZADA Na^+/H^+ ANTIPORTER GENLARINING SHO‘RLANISHGA CHIDAMLILIKDAGI MOLEKULYAR-GENETIK AHAMIYATI	154
Turlibaeva Z.A., Shavkiev J.Sh. NOK (*PYRUS SPP.*) MEVA SIFATI VA SAQLANUVCHANLIGI BILAN BOG‘LIQ NOMZOD GENLAR HAMDA ZAMONAVIY MOLEKULYAR SELEKSIYA YONDASHUVLARI	156
Turlibaeva Z.A., Shavkiev J.Sh. OLMA (*MALUS DOMESTICA BORKH.*) MEVA SIFATI BELGILARI BILAN BOG‘LIQ NOMZOD GENLAR VA MOLEKULYAR SELEKSIYA ISTIQBOLLARI	158
Xalikov Q.K., Arslanov D.M. G‘O‘ZANING AYRIM NAV VA TIZMALARIDA TOLA CHIQIMI KO‘RSATKICHLARI	160
Xolmuradova M.M., Makamov A.X., Normamatov I.S., Boyqobilov U.A., Norbekov J.K., Xusenov N.N., Muxammadaliyev R.I., Buriev Z.T. DNK MARKERLAR YORDAMIDA G’O’ZA GENOTIPLARINI GENETIK POLIMORFIZMINI BAHOLASH	161
Xolmuradova M.M., Makamov A.X., Normamatov I.S., Boyqobilov U.A., Norbekov J.K., Xusenov N.N., Muxammadaliyev R.I., Buriev Z.T. G’O’ZADA (*G. hirsutum L.*) QURG’OQCHILIKKA CHIDAMLILIK GEN/LOKUSLARINI MOLEKULYAR XARITALASH	164
Xolova M.D., Ernazarova D.K., Oripova B.B., Xidirov M.T., Iskandarov A.A., Kushanov F.N. G‘O‘ZADA QURG‘OQCHILIKKA CHIDAMLILIK GENLARINI IN-SILICO PZR ORQALI ANIQLASH	166
Xotamov A.T., Safarov B.S. Qahhorova N.O‘. *G. HIRSUTUM* L. TURIGA MANSUB O‘RTA TOLALI G‘O‘ZA NAVLARIDA CHIGITNING DALA UNUVCHANLIGINI BAHOLASH	168
Yuldoshxonov A.A., Makamov A.X., Xolmuradova M.M.. Xusenov N.N., Mamanazarov Sh.I., Muxammadaliyev R.I. G‘O‘ZA GENOTIPLARIDA FIZIOLOGIK VA HOSILDORLIK BELGILARI O‘RTASIDAGI O‘ZARO BOG‘LIQLIKNI PEARSON KORRELYATSIYA TAHLILI ASOSIDA BAHOLASH	170

Ziyodov O.T., Usmanov D.E., Shermatov Sh.E., Xusanbayeva Sh.R., Juraqulov D.S., Sharifjonov A.A., Buriev Z.T. UGT GENLAR OILASINING O‘SIMLIKLARGA TA‘SIRI VA AHAMIYATI	172
Бабоев С.К., Дусматова Г.Д. БУҒДОЙ ГИБРИДЛАРИДА МИКРОСПОРА ВАКУОЛИЗАЦИЯСИНИ БОШОҚНИНГ МОРФОЛОГИК РИВОЖЛАНИШ БЕЛГИСИ АСОСИДА АНИҚЛАШ	173
Бегимова Д. *MYCOBACTERIUM TUBERCULOSIS* МОЛЕКУЛЯР ДИАГНОСТИКАСИ УЧУН ЯНГИ АВЛОД ПРАЙМЕРЛАРИНИ ИШЛАБ ЧИҚИШ	175
Хусенов Н.Н., Норбеков Ж.К., Бойқобилов У.А., Маманазаров Ш.И. Макамов А.Х. ҒЎЗАНИНГ (*G. HIRSUTUM* L.) СУВ ТАНҚИСЛИГИ МУҲИТИДА МОРФО-ФИЗИОЛОГИК БЕРГИЛАРИНИ БАҲОЛАШ	177
Хусенов Н.Н., Нормаматов И.С., Норбеков Ж.К., Бойқобилов У.А., Маманазаров Ш.И. Макамов А.Х. ҒЎЗАНИНГ *G. HIRSUTUM* L. ТУРИГА МУНСУБ НАМУНАЛАРИНИ ТУЗ СТРЕССИ МУҲИТИДА УНУВЧАНЛИГИНИ БАҲОЛАШ	179
Авдеев С.М., Черноок А.Г., Кочешкова А.А., Крупин П.Ю., Свистунова Н.Ю., Канунникова В.Ю., Ромашкина С.И., Карлов Г.И., Дивашук М.Г. РОЛЬ АНАЛИЗИРУЮЩЕГО ФОНА ДЛЯ ДИФФЕРЕНЦИАЦИИ ЛИНИЙ СОИ В УСЛОВИЯХ СПИДБРИДИНГА	180
Автономов В.А., Курбонов А.Ё., Равшанов А.Э., Бакирова А.А. СОЧЕТАНИЕ МЕТОДОВ МАРКЁР АССОЦИИРОВАННОЙ И ТРАДИЦИОННОЙ СЕЛЕКЦИИ В СОЗДАНИИ СОРТА ХЛОПЧАТНИКА ВИДА *G.BARBADENSE* СУРХАН-107	183
Имамходжаева А.С., Рахматова Н.Р., Салахутдинов И.Б., Усманов Д.Э., Кадирова Ш.Б., Раджапов Ф.С., Мирзабаев Д. Мамаджанов А. ФИЗИОЛОГИЧЕСКИХ% СТРАТЕГИИ АДАПТАЦИИ ХЛОПЧАТНИКА К ЭКСТРЕМАЛЬНОМУ СОЛЕВОМУ СТРЕССУ	185
Имамходжаева А.С., Рахматова Н.Р., Салахутдинов И.Б., Усманов Д.Э., Кадирова Ш.Б., Раджапов Ф.С., Мирзабаев Д. Мамаджанов А. ИЗМЕНЕНИЕ СОДЕРЖАНИЯ ФОТОСИНТЕТИЧЕСКИХ ПИГМЕНТОВ У СОРТОВ ХЛОПЧАТНИКА ПРИ ВОЗДЕЙСТВИИ СОЛЕВОГО СТРЕССА	187

Камбурова В.С., Рахматова Н.Р., Салахутдинов И.Б., Ражапов Ф.С., Мирзабаев Д.А., Тожибоева Д.И., Назарова Е.Ф. КОМПЛЕКСНАЯ ОЦЕНКА ВЛИЯНИЯ БИОСТИМУЛЯТОРОВ НА РОСТ И РАЗВИТИЕ ХЛОПЧАТНИКА	189
Камбурова В.С., Рахматова Н.Р., Салахутдинов И.Б., Ражапов Ф.С., Мирзабаев Д.А., Тожибоева Д.И., Назарова Е.Ф.ОЦЕНКА ФИЗИОЛОГИЧЕСКОЙ И АГРОБИОЛОГИЧЕСКОЙ ЭФФЕКТИВНОСТИ БИОСТИМУЛЯТОРОВ НА ХЛОПЧАТНИКЕ	191
Кушаков Ш.О. МОЛЕКУЛЯРНО-БИОЛОГИЧЕСКАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА ОСНОВНЫХ ВИРУСНЫХ ПАТОГЕНОВ КАРТОФЕЛЯ	192
Кушбакова М.Р., Эржигитов Д.Ш., Эрназарова Д.К., Кушанов Ф.Н. РАСШИРЕНИЕ ГЕНЕТИЧЕСКОГО ПОТЕНЦИАЛА TRITICUM AESTIVUM L. ЗА СЧЁТ ИНТРОГРЕССИИ ГЕНОВ ДИКОРАСТУЩИХ СОРОДИЧЕЙ РОДА *AEGILOPS* L.	194
Лагуновская Е.В., Буракова А.А., Лемеш В.А., Булойчик А.А. ВЫДЕЛЕНИЕ УСТОЙЧИВЫХ К ЗАСУХЕ ЛИНИЙ УДВОЕННЫХ ГАПЛОИДОВ ГЕКСАПЛОИДНОГО ТРИТИКАЛЕ ПО МОРФОФИЗИОЛОГИЧЕСКИМ ПРИЗНАКАМ	197
Маматкулова Г.Ф., Рахимова Н.М., Кушбакова М.Р., Эрназарова Д.К., Кушанов Ф.Н. СОДЕРЖАНИЕ ХЛОРОФИЛЛА В ЛИСТЬЯХ И МЕЖСОРТОВОЕ СТАТИСТИЧЕСКОЕ КЛАСТЕРИЗАЦИЯ У ГЕНОТИПОВ МАЛИНЫ	199
Мартиновская Н.А., Анисимова Н.В., Дрозд Е.В., Кильчевский А.В. ИЗМЕНЕНИЕ ЭКСПРЕССИИ ГЕНОВ АУКСИНОВОГО ПУТИ У ТОМАТА ПОД ВЛИЯНИЕМ БАКТЕРИЗАЦИИ НА РАННИХ ЭТАПАХ ОНТОГЕНЕЗА	201
Орловская О.А., Яцевич К.К., Кильчевский А.В. ИДЕНТИФИКАЦИЯ ГЕНОВ УСТОЙЧИВОСТИ К БУРОЙ РЖАВЧИНЕ У ЛИНИЙ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ С ИНТРОГРЕССИЯМИ ЧУЖЕРОДНОГО ГЕНЕТИЧЕСКОГО МАТЕРИАЛА	203

Остапчик В.С., Мозгова Г.В., Кривецкая А.М., Дробот Н.И., Островская А.Н. ПРОБЛЕМА ДИФФЕРЕНЦИАЦИИ ТРАНСГЕННОЙ И ВИРУСНОЙ ДНК ПРИ СКРИНИНГЕ ГМО МЕТОДОМ ПЦР-РВ В ПРОДУКЦИИ, СОДЕРЖАЩЕЙ РАСТЕНИЯ СЕМЕЙСТВА КРЕСТОЦВЕТНЫХ	205
Поляруш С.В., Рыскулов Ф.Т., Масаидова И.Б., Пак А.А. МОЛЕКУЛЯРНЫЕ ФАКТОРЫ, ВЛИЯЮЩИЕ НА БИОСИНТЕЗ ЦЕРУЛОПЛАЗМИНА	207
Рахимова Н.М., Маматкулова Г.Ф., Эрназарова Д.К., Кушанов Ф.Н. ИЗУЧЕНИЕ ВОДОУДЕРЖИВАЮЩЕЙ СПОСОБНОСТИ И ПОКАЗАТЕЛЕЙ RWC У РАЗЛИЧНЫХ ГЕНОТИПОВ МАЛИНЫ	208
Романишко Е.Л., Михайлова М.Е. ИССЛЕДОВАНИЕ ПОЛИМОРФИЗМА ГЕНОВ *STAT1, STAT3, STAT5* ГОЛШТИНСКОГО СКОТА БЕЛОРУССКОЙ СЕЛЕКЦИИ	210
Хамдамова З.О. ВЫДЕЛЕНИЕ ГЕНОМНОЙ ДНК ИЗ ГРИБА Sclerotinia sclerotiorum (Lib.) de Bary ДЛЯ МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИХ ИССЛЕДОВАНИЙ	213
Alijonova M.T., Makhmudova M.U., Norov T.M., Usmonov D.E., Ziyaev Z.M., Turaev O.S. TARGETING DROUGHT-RESPONSIVE GENES USING CRISPR/CAS9 TO IMPROVE STRESS TOLERANCE IN WHEAT (*TRITICUM AESTIVUM* L.)	215
Askarova Z.R., Sherimbetov A.G., Ruzmetov D.R., Ramazonov J.D. Boykobilov J.B. MOLECULAR GENETIC DIAGNOSIS AND OPTIMIZATION OF PCR AMPLIFICATION FOR FUNGI OF THE GENUS *FUSARIUM* IN UZBEKISTAN	217
Atamirzayeva R.A., Turayev O.S., Rajametov Sh.N., Sodiqova M.O. PPLICATION OF GENOMIC TECHNOLOGIES AND MOLECULAR MARKERS IN THE EVALUATION OF DROUGHT TOLERANCE IN TOMATO (*SOLANUM LYCOPERSICUM* L.)	218
Turayev O.S., Allayarova N.M. MOLECULAR IDENTIFICATION OF LOCAL MELON (*CUCUMIS MELO* L.) ACCESSIONS: DEVELOPMENT OF A DNA BARCODING-BASED GENETIC PASSPORT SYSTEM	220

Kimsanova N.B., Norov T.M., Turaev O.S. MOLECULAR FUNCTIONS OF THE RGLG GENE FAMILY AND PROSPECTS FOR FUNCTIONAL MODIFICATION THROUGH CRISPR/CAS9 TECHNOLOGY	222
Mirzabaev D.A., Kamburova V.S., Salakhutdinov I.B., Rajabov F.S., Shermatov Sh.E., Tojiboeva D.I., Nazarova E.F., Bazarov D.K. MULTITRAIT SCREENING OF COTTON GENOTYPES FOR SALT TOLERANCE USING PCA AND MGIDI	224
3. BIOTEXNOLOGIYA VA GENETIK MUXANDISLIK	
Abdullaev S., Ubaydullaeva H., Abdullaev A., Babadjanova F., Yusupov H., Eshmurzaev J., Buriev Z. TOK (*VITIS VINIFERA L.*) NAVLARINING EMBRIONLAR RIVOJLANISHIGA O‘SISHNI BOSHQARUVCHI GORMONLARNING TA’SIRI	225
Abdullayev A.N., Abdullaev S.A., Babadjanova F.I., Eshmurzaev J.B., Yusupov H.N., Ubaydullaeva X.A. SOVUQQA CHIDAMLI TOK (*Vitis vinifera* L.) NAVLARINI YARATISH ISTIQBOLLARI	226
Abdullayev A.N., Yusupov H.N. Abdullaev S.A., Babadjanova F.I., Eshmurzaev J.B., Ubaydullaeva X.A. CRISPR/Cas9 TEXNOLOGIYASI YORDAMIDA MAHALLIY TOK NAVLARIDA SOVUQQA CHIDAMLILIKNI OSHIRISH ISTIQBOLLARI	227
Ahmadjonova S.U. Jovliyeva.D.T., Fayziyev V.B. CRISPR-CAS13 TIZIMINING O'SIMLIKLARNI VIRUSLARGA CHIDAMLILIGINI OSHIRISHDA QO'LLANILISHI	229
Aminova M.E., Fayziyev V.B. *MENTHA LONGIFOLIA* VAR. *ASIATICA* (BORISS.) RECH.F. O‘SIMLIGIDAN AJRATILGAN MIKROORGANIZMLARNING BIOLOGIK XUSUSIYATLARI VA ISTIQBOLLI BIOTEXNOLOGIK AHAMIYATI	231
Bazarbaeva S.B., Bozorov T.A., Aytenov I.S. *MALUS* O‘SIMLIKLARIDAN AJRATILGAN BAKTERIAL ANTAGONISTLARNING *CYTOSPORA MALI* RIVOJLANISHINI BOSTIRISH SAMARADORLIGI	234
Doshmuratova A.A., Hasanova Sh.A., Ernazarova D.K., Kushanov F.N. QULUPNAY (*FRAGARIA × ANANASSA*) DURAGAYLARIDA *IN VITRO* KO‘PAYTIRISH VA KALLUSOGENEZ	236

Ergasheva S.I., Toshmuxammedova Sh.S., Usmanov D.E., Abdukarimov Sh.S., Xusanbayeva SH.R., Nuriddinova M.T., Murodullayeva N.O. G‘O‘ZA FUZARIOZ VILT KASALLIGIGA CHIDAMLILIKNI OSHIRUVCHI GENETIK KONSTRUKSIYALARNI MODEL O‘SIMLIKDA SINOVDAN O‘TKAZISH	238
Ibragimov A.A., Axmedova Z.R., Kadirova G.X. *STREPTOMYCES* TURKUMIGA MANSUB AKTINOMITSETLARNING LINDAN BIODESTRUKSIYASI	239
Ibrohimova N.M. Ernazarova D.Q. Turayev O.S. ARPA (*HORDEUM VULGARE*) NING YETILGAN VA YETILMAGAN EMBRIONLARINI IN VITRO SHAROITIDA KALLUS INDUKSIYASINI QIYOSIY BAHOLASH	242
Juraqulov D.S., Usmanov D.E., Buriyev Z.T. KRIPTOXROM GENLAR OILASI VAKILLARI *CRY1* VA *CRY2* LARNING G‘O‘ZA (*G.HIRSUTUM*) DAGI FUNKSIYASINI O‘RGANISH UCHUN RNKi KONSTRUKSIYALARINI TUZISH	244
Kamburova V.S., Salakhutdinov I.B., Mirzabaev D.A., Rajabov F.S., Shermatov Sh.E., Tojiboeva D.I., Nazarova E.F., Bazarov D.K. MECHANISMS OF IMPROVING PLANT SALT TOLERANCE BY MICROBIAL BIOSTIMULATORS: A LITERATURE REVIEW	245
Mamadaliyeva R.A., Ayubov M.S., Yusupov A.N. *PTPN22* GENINING R620W MUTATSIYASINI CRISPR YORDAMIDA TAHRIRLASH ORQALI TUZATISHNING *IN SILICO* TAHLILI	247
Mamanazarov Sh.I., Normamatov I.S., Makamov A.X., Xusenov N.N., Norbekov J.K., Boyqobilov U.A. Muxammadaliev R.I., Muhammadov Y.A. TUZ STRESSI SHAROITIGA CHIDAMLI G`O`ZA NAVLARINI BIOTEXNOLOGIK USULDA YARATISH	249
Nazirov M.L., Turdiyeva N.B., Qobilov F.B., Xalilov I.M. ESCHERICHIA COLI EKSPRESSION TIZIMIDA REKOMBINANT PETAZA OQSILINING HUJAYRA TASHQARISIGA SEKRETSIYASI	250
Nematova K.M. PIOGEN INFEKSIYALARGA QARSHI FITOPREPARATLAR YARATISHDA SYZYGIUM AROMATICUM EKSTRAKTI FRAKSIYALARINING ANTIBAKTERIAL TAVSIFI	252

Norbekov J.K., Sobirjonov M.I, Sultonov D.Sh. GMO MAHSULOTLARINING BIOXAVFSIZLIGINI BAHOLASH	255
Obidov N.Sh., Ayubov M.S., Mamajonov B.O., Yusupov A.N., Bashirxonov Z.H., Murodov A.A. *AGROBACTERIUM TUMEFACIENS* YORDAMIDA PHYB RNAi GENETIK KONSTRUKSIYASINI G’O‘ZAGA (*GOSSYPIUM HIRSUTUM L*) TRANSFORMATSIYA QILISH	256
Ravshanov H.T. *COLLETOTRICHUM* TURKUMI ZAMBURUG‘LARNING SPT-8 GENI BO‘YICHA NOKAUT-MUTANT SHTAMMLARINI OLISH	258
Raxmanov B.K., Usmonov D.E., Azimov A.A., Abdukarimov Sh.S., Buriyev Z.T., Abduraxmonov I.Y. BUG‘DOY VA G‘O‘ZA EKINLARIDA QURG‘OQCHILIK HAMDA SHO‘RLANISHGA CHIDAMLILIKNING GENETIK ARXITEKTURASI	259
Raxmanov B.K., Buriyev Z.T., Ubaydullayeva X.A., Usmonov D.E., Shermatov Sh.E., Abduraxmonov I.Y. G‘O‘ZADA ILK ARTEMIZININ HETEROLOGIC BIOSINTEZINI YO‘LGA QO‘YISHNING *IN SILICO* VA MOLEKULYAR-GENETIK TAHLILI	260
Sharifjonov A.A., Usmanov D.E., Sobirov B.M., Abdukarimov Sh.S., Xusanbayeva Sh.R., Abdug‘afforov A.T., Juraqulov D.S., Ziyodov O.T., Buriev Z.T. *GOSSYPIUM HIRSUTUM L.* O‘SIMLIGIDA FAR1-RELATED SEQUENCE (FRS) GENLARINI RNK-INTERFERENSIYA ASOSIDA MOLEKULYAR-FUNKSIONAL BAHOLASH	261
Shodiyeva D.G`. O`ZBEKISTON NOYOB ENDOFIT ACHITQILARINING BIOTEXNOLOGIK POTENSIALI	263
Sobirjonov M.I, Sultonov D.Sh, Norbekov J.K. GMO MAHSULOTLARINI TOKSIKLIGINI BAHOLASHDA ZAMONAVIY YONDASHUVLAR	264
Sodikova M.O., Atamirzaeva R.A., Abdirahimova S.Sh., Nazirov M.M., Kurbonov A.Y., Turaev O.S. CRISPR/CAS9 MEDIATED FRUIT QUALITY GENE EDITING IN TOMATO: ADVANCES IN TRANSFORMATION EFFICIENCY	265
Sultonov D. Sh., Sobirjonov M., Norbekov J.K. RNKI ASOSIDA OLINGAN RNKi_FRS10 va pSyn-FoSTUA TRANSGEN G‘O‘ZA URUG’INING BIOXAVFSIZLIGINI KOMPLEKS BAHOLASH	267

Tohirova O. S., Davronov K., Turaeva B. I. SUT YO‘NALISHIDAGI QORAMOLLAR OVQAT HAZM QILISH TIZIMI MIKROBIOTASIDAN AJRATIB OLINGAN ISTIQBOLLI BAKTERIAL SHTAMMLARNING BIOTEXNOLOGIK AHAMIYATI	269
Xusanbayeva Sh.R., Usmanov D.E., Juraqulov D.S., Buriyev Z.T. KARTOSHKA (*Solanum tuberosum L.*) REGENERATSIYASIDA TRANSFORMATSIYADAN KEYINGI OZUQA MUHITLARINING AHAMIYATI	271
Yaxyayeva M.A., Bakayeva Sh.B., Axmedova Z.R. AYRIM SANOAT KORXONALARI IFLOSLANGAN OQAVA SUVLARINING MICROBIOLOGIK VA SANITAR HOLATI	273
Yusupov H.N., Abdullaev A.N., Eshmurzayev J.B., Babadjanova F.I., Abdullayev S.A., Ubaydullaeva X.A. UZUM (*VITIS VINIFERA* L.) REGENERATSIYASI VA GENETIK TRANSFORMATSIYASINI TAKOMILLASHTIRISHNING ZAMONAVIY YONDASHUVLARI	276
Sobirjonov M.I, Sultonov D.Sh, Norbekov J.K. GMO MAHSULOTLARINING ALLERGENLIK XUSUSIYATLARINI BAHOLASH USULLARI	278
Камбурова В.С., Рахматова Н.Р., Салахутдинов И.Б., Ражапов Ф.С., Мирзабаев Д.А., Тожибоева Д.И., Назарова Е.Ф. ШЎР СТРЕСС ШАРОИТИДА БИОСТИМУЛЯТОРЛАР ТАЪСИРИДА ҒЎЗАНИНГ МОРФОЛОГИК ПАРАМЕТРЛАРИНИНГ ЎЗГАРИШИНИ БАҲОЛАШ	279
Аманова Г.И., Зиявитдинов Ж.Ф., Ишимов У.Ж., Олимжонов Ш.С., Тўлибаева Х.Э. ШЎРЛАНИШ СТРЕССИ ТАЪСИРИДА *Atriplex micrantha* МИКРОНИҲОЛЛАРИДА АМИНОКИСЛОТАЛАР БИОСИНТЕЗИ	280
Utaganov M.U., Zakiryayeva S.I., Xolmatov B.R. *ANACANTHOTERMES TURKESTANICUS* TERMITINING ICHAK VA TANA MIKOBIOTASINING KULTIVATSIYA QILINADIGAN ZAMBURUG'LARINI AJRATIB OLISH VA TAVSIFLASH	283
Алланазарова Л.П., Матчанова Д.Ш., Холбекова Х.У. БИОЛОГИЧЕСКИЕ ОСОБЕННОСТИ И ТЕХНОЛОГИЯ МИКРОКЛОНАЛЬНОГО РАЗМНОЖЕНИЯ ГАЛОФИТА *ATRIPLEX UNDULATA*.	285

Гузалова А. Г. СОЛЕУСТОЙЧИВЫЕ РИЗОСФЕРНЫЕ БАКТЕРИИ ПШЕНИЦЫ НА ЗАСОЛЕННЫХ ПОЧВАХ КАРАКАЛПАКСТАНА	287
Гузалова А.Г., Новичкова А.А., Новичкова А.А., Замалетдинов М.Р. БИОЛОГИЧЕСКИЕ МЕТОДЫ РЕКУЛЬТИВАЦИИ ЗАСОЛЁННЫХ ПОЧВ	288
Жамалова Д.Н., Хайдарова Н.Н., Курбаниязова Г.Т. УСТОЙЧИВОСТЬ И СОХРАНЕНИЕ РЕДКИХ ВИДОВ РОДА *OXYTROPIS* DC. С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ БИОТЕХНОЛОГИЧЕСКИХ ПОДХОДОВ *IN VITRO*	290
Зайнитдинова Л.И., Жураева Р.Н., Лазутин Н.А., Хегай Т.Б., Ташпулатов Ж.Ж. СИНТЕЗ НАНОЧАСТИЦ СЕРЕБРА МИКРООРГАНИЗМАМИ-ДЕСТРУКТОРАМИ ПЕСТИЦИДОВ	292
Маматов Ш.М., Матчанова Д.Ш. НАУЧНЫЕ ОСНОВЫ БИОТЕХНОЛОГИЧЕСКОЙ КОНВЕРСИИ ВТОРИЧНОГО СЫРЬЯ АГРОПРОМЫШЛЕННОГО КОМПЛЕКСА В ПИЩЕВЫЕ БИОАКТИВНЫЕ СОЕДИНЕНИЯ.	295
Матчанова Д.Ш., Маматов Ш.М. ВТОРИЧНОЕ СЫРЬЕ АПК КАК СТРАТЕГИЧЕСКИЙ РЕСУРС ДЛЯ ПРОИЗВОДСТВА ФУНКЦИОНАЛЬНЫХ ПРОДУКТОВ ПИТАНИЯ	297
Матчанова Д.Ш., Холбекова Х.У., Назарова К.Х. ИССЛЕДОВАНИЕ ПРОЦЕССОВ КУЛЬТИВИРОВАНИЯ И РЕГЕНЕРАЦИИ *ATRIPLEX MONETA* В УСЛОВИЯХ *IN VITRO*.	299
Рахматова Н.Р., Камбурова В.С. ОЦЕНКА АГРОБИОЛОГИЧЕСКОЙ ЭФФЕКТИВНОСТИ НЕКОТОРЫХ БИОПРЕПАРАТОВ НА ХЛОПЧАТНИКЕ	302
Шерматов Ш.Э., Усманов Д.Э., Камбурова В.С., Буриев З.Т. ОЦЕНКА ИММУНОГЕННОСТИ РАСТИТЕЛЬНОЙ ВАКЦИНЫ НА ОСНОВЕ ТОМАТА ПРОТИВ SARS-COV-2	303
Abdukarimova I.A., Zakiryaeva S.I., Ergasheva Z.M., Botirova S.K. STUDY OF THE EFFECT OF VARIOUS CONCENTRATIONS OF SODIUM CHLORIDE ON THE GROWTH OF RHIZOBACTERIA ISOLATED FROM HALOPHYTIC PLANTS	305

Abdurakhmonova M.O. DEVELOPMENT OF ECOLOGICALLY SAFE BIOPREPARATIONS AGAINST PLANT PESTS BASED ON ACTIVE MICROBIAL STRAINS	307
Bahridinova D.I. ELUCIDATING STRESS TOLERANCE MECHANISMS IN CAMELTHORN (*ALHAGI PSEUDALHAGI*) THROUGH MULTI-OMICS INTEGRATION AND CRISPR-CAS9-BASED TARGETED GENE MODIFICATION	309
Butaev M. THE GATA TRANSCRIPTION FACTORS AND FUNCTIONS IN DURUM WHEAT	311
Ergasheva M.T., Zakiryaeva S.I[2], Karimov R.K. EVALUATION OF THE EFFECTIVENESS OF MINERAL CARRIERS FOR THE IMMOBILIZATION OF PHOSPHATE-SOLUBILIZING BACTERIA	312
Ergasheva Z.M., Zakiryaeva S.I. ISOLATION OF NODULE BACTERIAL ISOLATES OF LOCAL SOYBEAN VARIETIES TO CREATE A BACTERIAL FERTILIZER INTENDED FOR SALINE SOILS	314
Eshmurzaev J.B., Ubaydullaeva H.A., Abdullaev S.A., Abdullaev A.N., Babadjanova F.I., Yusupov H.N. APPLICATION OF CRISPR/CAS9 GENOME EDITING TECHNOLOGY TO ENHANCE COLD STRESS TOLERANCE IN GRAPEVINE (*VITIS VINIFERA* L.)	317
Eshonkulova D.Sh., Teshaeva F.I., Ilyosiddinova K.A., Abdirahimova S.Sh., Nazirov M.L.M., Kurbonov A.Y., Ziyaev Z.M., Turaev O.S. STRATEGIC OPTIMIZATION OF EXPLANT STERILIZATION AND *IN VITRO* ESTABLISHMENT PROTOCOLS FOR SUNFLOWER (*HELIANTHUS ANNUUS* L.)	318
Ilyosiddinova K.A., Eshonkulova D.Sh., Teshaeva F.I., Abdirahimova S.Sh., Mirzakarimova N.A., Ziyaev Z.M., Turaev O.S. ENHANCING YIELD IN SUNFLOWER (*HELIANTHUS ANNUUS* L.) VIA CRISPR/CAS9: A REVIEW OF GENETIC TARGETS AND EDITING STRATEGIES	320
Islomova M.N., Zakiryaeva S.I., Ergasheva M.T., Botirova S.K. SCREENING OF PROMISING PHOSPHATE-MOBILIZING BACTERIA FOR THEIR ABILITY TO PRODUCE ORGANIC ACIDS FOR THE DEVELOPMENT OF ENVIRONMENTALLY FRIENDLY BIOFERTILIZERS	322

Makhmudova M.U., Alijonova M.T., Abdirahimova S.Sh., Ziyaev Z.M., Turaev O.S. PRECISION GENOME EDITING OF THE NEGATIVE REGULATOR *PPRT1* IN ELITE UZBEK BREAD WHEAT VARIETIES (*TRITICUM AESTIVUM* L.) FOR ENHANCED DROUGHT TOLERANCE USING CRISPR-CAS9	325
Norov T.M., Kimsanova N.B., Alijonova M.T., Teshaeva F.I., Ilyosiddinova K.A., Makhmudova M.U., Eshonkulova D.Sh., Ziyaev Z.M., Turaev O.S. CRISPR-MEDIATED GENOMIC ENGINEERING FOR NEXT-GENERATION CEREAL AND OIL CROP IMPROVEMENT	327
Orifjonova U.A., Ubaydullayeva X.A., Ayubov M.S., Boboqulov M.Sh. *PHYA1* GENE EDITING IN *GOSSYPIUM HIRSUTUM* L USING CRISPR/CA9: CALLUS INDUCTION AND SOMATIC EMBRYOGENESIS	329
Orifjonova U.A., Ubaydullayeva X.A., Ayubov M.S., Yusupov H.N., Abdullayev A.N., Babadjanova F.I., Boboqulov M.Sh. DESIGN AND IMPLEMENTATION OF *PHYA1* GENE EDITING USING CRISPR/CAS9	331
Payizova Sh. ASSEMBLY OF A CRISPR-CAS9 VECTOR TARGETING THE *ABA2* GENE IN GRASSES USING THE MOCLO MODULAR CLONING SYSTEM	333
Puhachova I.G., Li Chao. CONSTRUCTION OF *COMT* GENE EDITING VECTOR OF BELARUSIAN TOMATO VARIETIES BASED ON CRISPR/CAS9 TECHNOLOGY	335
Puhachova I.G., Li Chao. IDENTIFICATION OF *COMT* GENE IN BELARUSIAN TOMATO VARIETIES, CLONING AND OVEREXPRESSION VECTOR CONSTRUCTION	336
Zakiryaeva S.I., Karimov H.X., Khamidova H.M., Shakirov Z.S. EFFECT OF VARIOUS CONCENTRATIONS OF NaCl ON THE GROWTH ACTIVITY OF SALT-TOLERANT BACTERIAL STRAINS	337
Lutpillayev G’.X., Maxmarajabov E. THE IMPORTANCE OF BIOCHEMICAL INDICATORS IN EVALUATING COTTON TOLERANCE TO DROUGHT AND SALINITY STRESS	340

Mamatkulova Sh.H., Kamburova V.S., Isomiddinova O.L., Norbekov J.K. SUBSTANTIAL EQUIVALENCE ASSESSMENT THROUGH COMPARATIVE ANALYSIS OF POTENTIAL UNINTENDED EFFECTS ASSOCIATED WITH GENETIC MODIFICATION IN RNAi_FRS10 COTTON SEEDS	341
Mamatkulova Sh.H., Kamburova V.S., Isomiddinova O.L., Norbekov J.K. PLANT BREEDING THROUGH THE LENS OF BIOSAFETY: FROM CONVENTIONAL METHODS TO MODERN GENETIC ENGINEERING TECHNOLOGIES	343
Mamatkulova Sh.H., Kamburova V.S., Isomiddinova O.L. DETERMINATION OF ACUTE TOXICITY AND LD_{50} OF RNAi COTTON LINES	345