O‘ZBEKISTON RESPUBLIKASI OLIY TA’LIM, FAN VA INNOVATSIYALAR VAZIRLIGI

MIRZO ULUG‘BEK NOMIDAGI O‘ZBEKISTON MILLIY UNIVERSITETINING JIZZAX FILIALI

KOMPYUTER ILMLARI VA MUHANDISLIK TEXNOLOGIYALARI

mavzusidagi Xalqaro ilmiy-texnik anjuman materiallari to‘plami

2026-yil 25-26-sentabr

(2-qism)

JIZZAX-2026

Kompyuter ilmlari va muhandislik texnologiyalari. Xalqaro ilmiy-texnik anjuman materiallari to‘plami – Jizzax: O‘zMU Jizzax filiali, 2026-yil 25-26-sentabr. 315-bet.

Xalqaro miqyosidagi ilmiy-texnik anjuman materiallarida zamonaviy kompyuter ilmlari va muhandislik texnologiyalari sohasidagi innovatsion tadqiqotlar aks etgan.

Globallashuv sharoitida davlatimizni yanada barqaror va jadal sur’atlar bilan rivojlantirish bo‘yicha amalga oshirilayotgan islohotlar samarasini yaxshilash sohasidagi ilmiy-tadqiqot ishlariga alohida e’tibor qaratilgan. Zero iqtisodiyotning, ijtimoiy sohalarni qamrab olgan modernizatsiya jarayonlari, hayotning barcha sohalarini liberallashtirishni talab qilmoqda.

Ushbu ilmiy ma’ruza tezislari to‘plamida mamlakatimiz va xorijlik turli yo‘nalishlarda faoliyat olib borayotgan mutaxassislar, olimlar, professor-o‘qituvchilar, ilmiy tadqiqot institutlari va markazlarining ilmiy xodimlari, tadqiqotchilari, magistr va talabalarning ilmiy-tadqiqot ishlari natijalari mujassamlashgan.

Mas’ul muharrirlar: DSc.prof. Turakulov O.X., t.f.n., dots. Baboyev A.M.

Tahrir hay’ati a’zolari: p.f.d.(DSc), prof. Turakulov O.X., t.f.n., dots. Baboyev A.M., t.f.f.d.(PhD), prof. Abduraxmanov R.A., p.f.f.d.(PhD) Eshankulov B.S., p.f.n., dots. Aliqulov S.T., p.f.n., dots. Alimov N.N., p.f.f.d.(PhD), dots. Alibayev S.X., т.f.f.d.(PhD), dots. Abdumalikov A.A, p.f.f.d.(PhD) Hafizov E.A., f.f.f.d.(PhD) dots., Norbekova B.Sh. p.f.f.d.(PhD) dots. Sindorov L.K., t.f.f.d.(PhD), dots. Nasirov B.U., b.f.f.d. (PhD) O‘ralov A.I., p.f.n., dots. Aliqulov S.T., t.f.f.d.(PhD) Kuvandikov J.T., i.f.n., dots. Tsoy M.P., Sharipova S.F., Jo‘rayev M.M.

Mazkur to‘plamga kiritilgan ma’ruza tezislarining mazmuni, undagi statistik ma’lumotlar va me’yoriy hujjatlarning to‘g‘riligi hamda tanqidiy fikr-mulohazalar, keltirilgan takliflarga mualliflarning o‘zlari mas’uldirlar.

BALIQKO‘Z(*Climacoptera lanata*.) O‘SIMLIGINING ILDIZ RIZOSFERASIDAGI MIKROORGANIZMLARNI AJRATIB OLISH VA IDENTIFIKATSIYA QILISH METODLARI

Hamidova Madinabonu
Mirzo Ulug‘bek nomidagi O‘zbekiston Milliy universiteti Jizzax filliali magistranti

Annotatsiya. Ushbu tezisda baliqko‘z o‘simligi ildiz rizosferasida uchraydigan mikroorganizmlarni ajratib olish va identifikatsiya qilishning mikrobiologik, biokimyoviy hamda molekulyar-genetik usullari yoritilgan. Rizosfera o‘simlik ildizi bilan bevosita bog‘liq bo‘lgan tuproq muhiti bo‘lib, unda o‘simlik ildizidan ajraladigan moddalar mikroorganizmlarning rivojlanishiga ta’sir ko‘rsatadi. Rizosferadagi mikroorganizmlarni o‘rganishda tuproq namunasini olish, ketma-ket suyultirish, oziqa muhitlariga ekish, sof kulturalarni ajratish, morfologik va biokimyoviy xususiyatlarni aniqlash hamda 16S rRNK va ITS markerlari asosida molekulyar identifikatsiya qilish usullaridan foydalanish mumkin [1–4]. Bunday tadqiqotlar o‘simlik bilan mikroorganizmlar o‘rtasidagi o‘zaro munosabatlarni aniqlash va o‘simlik o‘sishini rag‘batlantiruvchi foydali mikroorganizmlarni izlashda muhim ahamiyatga ega [5].

Kalit so‘zlar. Baliqko‘z, rizosfera, mikroorganizmlar, bakteriyalar, zamburug‘lar, sof kultura, identifikatsiya, oziqa muhiti, PCR, 16S rRNK.

Rizosfera o‘simlik ildizi ta’sirida shakllanadigan tuproq qismi bo‘lib, unda turli mikroorganizmlar faoliyat yuritadi. O‘simlik ildizlari tomonidan ajratiladigan organik birikmalar rizosferadagi mikroorganizmlar uchun oziqa va signal manbai bo‘lib xizmat qilishi mumkin. Rizosferadagi ayrim bakteriyalar o‘simlikning oziqa moddalarini o‘zlashtirishiga yordam berishi, azot fiksatsiyasida ishtirok etishi va ildiz rivojlanishiga ijobiy ta’sir ko‘rsatishi mumkin [5].

Plant growth-promoting rhizobacteria — PGPR deb ataladigan ayrim rizobakteriyalar o‘simlik o‘sishini rag‘batlantirish, oziqa elementlarining o‘zlashtirilishini yaxshilash va boshqa foydali jarayonlarda ishtirok etishi bilan tavsiflanadi [5]. Shu sababli baliqko‘z o‘simligi rizosferasidagi mikroorganizmlarni ajratib olish va ularning taksonomik tarkibini aniqlash ilmiy va amaliy jihatdan muhimdir.

Tadqiqot uchun sog‘lom rivojlangan baliqko‘z o‘simliklari tanlanadi. O‘simlik ildizi tuproqdan ehtiyotkorlik bilan olinib, ildizga yopishgan tuproq rizosfera namunasi sifatida yig‘iladi. Rizosfera bakteriyalarini ajratishda ildizga yopishgan tuproqni steril yoki tozalangan suv yordamida ajratib olish va undan mikrobiologik suspenziya tayyorlash usuli qo‘llanadi. Ushbu yondashuv rizosfera bakteriyalarini o‘rganishga bag‘ishlangan tadqiqotlarda qo‘llangan [1].

Mikroorganizmlarni ajratib olish

Olingan rizosfera tuprog‘idan suspenziya tayyorlanadi. Mikroorganizmlar sonini aniqlash va alohida koloniyalarni olish uchun ketma-ket suyultirish usuli qo‘llanadi. Tayyorlangan suyultirmalardan namunalar umumiy yoki selektiv oziqa muhitlariga ekiladi. Rizosfera mikroorganizmlarini ajratib olish bo‘yicha

tadqiqotlarda tuproq namunasini fiziologik eritmada suspenziyalash, ketma-ket suyultirish va oziqa muhitiga ekish usullari qo‘llangan [1]. Inkubatsiyadan so‘ng oziqa muhitida hosil bo‘lgan koloniyalar hisoblanadi. Mikroorganizmlarning miqdorini ifodalashda koloniya hosil qiluvchi birliklar — CFU/g kabi ko‘rsatkichlardan foydalanish mumkin. Turli morfologik xususiyatga ega koloniyalar alohida tanlab olinadi va qayta ekish orqali sof kultura holiga keltiriladi.

Bakteriyalarning morfologik va fiziologik xususiyatlarini aniqlash

Ajratib olingan bakterial koloniyalarning shakli, kattaligi, rangi, yuzasi, chetlari va boshqa morfologik belgilari o‘rganiladi. Mikroskop yordamida bakteriya hujayralarining shakli va joylashishi aniqlanadi. Gram bo‘yash orqali bakteriyalar dastlabki ravishda Gram-musbat va Gram-manfiy guruhlarga ajratiladi. Shuningdek, katalaza, oksidaza, uglevodlarni o‘zlashtirish kabi biokimyoviy testlardan foydalanish mumkin. Biroq faqat morfologik va biokimyoviy belgilar asosida bakteriyalarni tur darajasida aniqlash har doim ham yetarli bo‘lmasligi mumkin. Shu sababli zamonaviy tadqiqotlarda molekulyar identifikatsiya usullaridan foydalanish tavsiya etiladi [2, 3].

16S rRNK geni asosida bakteriyalarni identifikatsiya qilish

Bakteriyalarni molekulyar identifikatsiya qilishda 16S rRNK geni keng qo‘llanadigan markerlardan biridir. Buning uchun avvalo sof bakterial kulturadan DNK ajratib olinadi. Keyin 16S rRNK genining ma’lum qismi PCR yordamida amplifikatsiya qilinadi va hosil bo‘lgan fragment sekvenslanadi. Olingan nukleotid ketma-ketligi ma’lumotlar bazalaridagi mavjud ketma-ketliklar bilan taqqoslanadi. 16S rRNK ketma-ketliklarini taqqoslash bakteriyalarning filogenetik munosabatlarini aniqlash va identifikatsiya qilishda muhim vosita hisoblanadi [2, 3]. 16S rRNK asosida identifikatsiya ayniqsa fenotipik belgilar bilan aniqlash qiyin bo‘lgan bakteriyalar uchun foydali bo‘lishi mumkin [2].

Zamburug‘larni identifikatsiya qilish

Rizosfera namunalarida bakteriyalar bilan bir qatorda turli zamburug‘lar ham uchrashi mumkin. Zamburug‘larni dastlab koloniya morfologiyasi va mikroskopik belgilari asosida baholash mumkin. Molekulyar identifikatsiyada ITS — internal transcribed spacer hududi muhim DNK barkod markeri hisoblanadi. Schoch va hammualliflar tomonidan olib borilgan tadqiqotda ITS hududi zamburug‘larni molekulyar identifikatsiya qilish uchun universal DNK barkod markeri sifatida baholangan [4]. Shuning uchun baliqko‘z rizosferasidan ajratilgan zamburug‘ izolyatlarini aniqlashda ITS hududini PCR orqali amplifikatsiya qilish va keyinchalik sekvenslash usulidan foydalanish mumkin.

Foydali mikroorganizmlarni aniqlash

Rizosferadan ajratilgan bakteriyalar orasida o‘simlik o‘sishini rag‘batlantiruvchi mikroorganizmlar mavjud bo‘lishi mumkin. Bunday bakteriyalar azot fiksatsiyasi, fosforni o‘simlik o‘zlashtira oladigan shaklga o‘tkazish, o‘simlik gormonlari bilan bog‘liq jarayonlar va boshqa mexanizmlar orqali o‘simlik rivojlanishiga ta’sir ko‘rsatishi mumkin [5]. Ayrim PGPR bakteriyalarni tanlashda ACC-deaminaza faolligini ham o‘rganish mumkin. Penrose va Glick tadqiqotlarida

rizosfera namunalaridan ACC-deaminaza saqlovchi bakteriyalarni ajratish va ularning o‘simlik ildizi o‘sishiga ta’sirini baholash metodlari tavsiflangan [6].

Olingan natijalar

Tadqiqot natijasida baliqko‘z o‘simligi ildiz rizosferasidan turli morfologik xususiyatlarga ega bakterial va zamburug‘ izolyatlarini ajratib olindi. Ajratilgan bakteriyalar dastlab morfologik va biokimyoviy xususiyatlari bo‘yicha tavsiflandi. Keyinchalik 16S rRNK geni asosida molekulyar identifikatsiya qilish orqali ularning filogenetik mansubligi aniqlandi [2, 3]. Zamburug‘ izolyatlari esa morfologik belgilar bilan bir qatorda ITS hududi asosida molekulyar identifikatsiya qilindi [4]. Shuningdek, ajratilgan mikroorganizmlar orasidan o‘simlik o‘sishini rag‘batlantiruvchi xususiyatlarga ega istiqbolli izolyatlarni tanlab olindi. PGPR bakteriyalarining o‘simlik oziqlanishi va ildiz rivojlanishiga ta’siri ilmiy adabiyotlarda keng yoritilgan [5].

Xulosa

Baliqko‘z o‘simligi ildiz rizosferasidagi mikroorganizmlarni o‘rganishda mikrobiologik va molekulyar-genetik usullarni birgalikda qo‘llash maqsadga muvofiqdir. Rizosfera namunasini olish, ketma-ket suyultirish va oziqa muhitlariga ekish orqali mikroorganizmlarning kultivatsiya qilinadigan qismini ajratib olish mumkin [1]. Morfologik va biokimyoviy usullar mikroorganizmlarni dastlabki tavsiflash imkonini beradi. Bakteriyalarni aniqroq identifikatsiya qilish uchun 16S rRNK geni, zamburug‘larni identifikatsiya qilish uchun esa ITS hududi asosidagi molekulyar usullardan foydalanish mumkin [2–4]. Mazkur kompleks yondashuv baliqko‘z o‘simligi rizosferasining mikrobiologik xilma-xilligini aniqlash, foydali mikroorganizmlarni tanlash va kelajakda ularning o‘simlik o‘sishiga ta’sirini o‘rganish uchun asos yaratadi.

FOYDALANILGAN ADABIYOTLAR

1. Khan, N., Bano, A., Rahman, M.A., Guo, J., Kang, Z., Babar, M.A. Identification and characterization of rhizospheric microbial diversity by 16S ribosomal RNA gene sequencing. *BioMed Research International*. 2014.

2. Janda, J.M., Abbott, S.L. 16S rRNA gene sequencing for bacterial identification in the diagnostic laboratory: pluses, perils, and pitfalls. *Journal of Clinical Microbiology*. 2007;45(9):2761–2764.

3. Clarridge, J.E. Impact of 16S rRNA gene sequence analysis for identification of bacteria on clinical microbiology and infectious diseases. *Clinical Microbiology Reviews*. 2004.

4. Schoch, C.L., Seifert, K.A., Huhndorf, S., et al. Nuclear ribosomal internal transcribed spacer (ITS) region as a universal DNA barcode marker for Fungi. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 2012;109(16):6241–6246.

5. Vessey, J.K. Plant growth promoting rhizobacteria as biofertilizers. *Plant and Soil*. 2003;255:571–586. DOI: 10.1023/A:1026037216893.

6. Penrose, D.M., Glick, B.R. Methods for isolating and characterizing ACC deaminase-containing plant growth-promoting rhizobacteria. *Physiologia Plantarum*. 2003;118:10–15.