

**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

(1-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. 507-bet.

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

Globalashuv 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 talabalarining 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., t.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.

2. Nguyen T.D., Nguyen T.T., Pham M.N. et al. Relationships between endophytic bacteria and medicinal plants on bioactive compounds production // *Rhizosphere*. 2023. Vol. 27. 100720.

3. Dini I. et al. Medicinal Plants and Their Bacterial Microbiota: A Review on Antimicrobial Compounds Production for Plant and Human Health // *Microorganisms*. 2021.

4. Haghi G., Hatami A., Safaei A., Mehran M. Analysis of phenolic compounds in *Matricaria chamomilla* and its extracts by UPLC-UV // 2014.

5. Kurbanov F.N., Nuriddinova D.F. Medicinal properties of *Rosa canina* // *Asian Journal of Applied Chemistry*. 2022. Vol. 12(5). P. 489–492.

6. Abdimuminova M.A. Medicinal properties of *Matricaria chamomilla* plant // *Journal of Academic Research and Trends in Educational Sciences*. 2022.

7. Zhabborova H.S., Zhuraeva F.Zh., Kurbonov A.B., Turdimuratov B.K. Pharmacological properties of medicinal plants growing in the territory of Uzbekistan // *International Journal of Medical Sciences*. 2026. P. 568–572.

ИЗУЧЕНИЕ ЦЕСТОД РЫБ БАССЕЙНА РЕКИ ЗАРАФШАН НА ОСНОВЕ АНАЛИЗА НУКЛЕОТИДНЫХ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ

¹Соатов Б. Б., ¹Анварова Н.Б ²Кучбоев А.Э

¹Джизакский филиал национального университета Узбекистана

имени Мирзо Улугбека кафедра Биотехнология

Г. Джизак, Республика Узбекистан

²Д.б.н., заведующий лабораторией Молекулярной зоологии Института зоологии АН РУз, Ташкент, Узбекистан

E-mail: bahrom_soatov@mail.ru

Study of fish cestodes of the Zarafshan river basin based on the analysis of nucleotide sequences

Abstract

Genetic diversity of the Cestoda obtained from fishes collected in the basin of Zarafshan River was inferred from the sequence analysis of nuclear and mitochondrial nucleotide sequences. An analysis of the 18S rDNA sequences revealed the presence of *Ligula* immature stages in different cyprinid fishes and one proteocephalid in the *Siluris glanis* catfish. The latter closely resembles the representatives of the genus *Proteocephalus*. Additional analysis of the mitochondrial gene of cytochrome C oxidase subunit I (Cox1 mtDNA) demonstrated the presence of two phylogenetic clades within the studied representatives of the genus *Ligula*.

Key words: Cestodes, mitochondrial DNK, sequences, ПЦР, *Proteocephalus*, *Ligula*, fasta, Cox1 gene, phylogenetic clades.

Аннотация.

По результатам анализа ядерного и митохондриального нуклеотидной последовательностей в бассейне реки Зарафшан, отмечено генетическое разнообразие цестод. Анализ последовательностей 18S рДНК выявил наличие неполовозрелых стадий *Ligula* у разных карповых рыб и одного протеоцефалида у сома *Siluris glanis*. Последний очень похож на представителей рода *Proteocephalus*. Дополнительный анализ митохондриального гена субъединицы I цитохром-С-оксидазы (мтДНК *Cox1*) показал наличие у изученных представителей рода *Ligula* двух филогенетических клад.

Ключевые слова: цестоды, митохондрия ДНК, секвенс, ПЦР *Proteocephalus*, *Ligula*, фаста, *Cox1* ген, филогенетик клада.

Введение. Современная таксономия паразитических организмов, как и большинства других организмов на нашей планете, была чти исключительно на морфологических признаках. Этот подход в значительной степени оправдал себя, позволив диагностировать отдельные виды, что, в свою очередь, дало значительный экономический и социальный эффект (при, диагностике, например, вредителей сельского хозяйства или переносчиков опасных заболеваний). В то же время уже на протяжении «морфологической» эпохи были видны ограничения этого подхода. Это, в первую очередь, касалось невозможности достоверно оценить пределы вариации тех или иных признаков (особенно при ограниченности доступных для изучения выборок), оценить роль влияния географических, трофических и прочих факторов на выраженность морфологических признаков. Новые возможности открыло использование метода полимеразной цепной реакции, при котором даже микроскопические навески тканей животных, содержащие ДНК, могут быть использованы для получения информативных нуклеотидных последовательностей, их последующего сравнения и обоснованных выводов о родстве [3].

Для исследователей-паразитологов внедрение методов анализа нуклеотидных последовательностей стало поистине революционным событием, позволившим решать вопросы систематики и таксономии паразитических организмов, и в особенности тех групп для которых наблюдается очевидный «дефицит» морфологических признаков. Существенное воздействие «молекулярные» данные оказывают на понимание эволюции паразитизма. Они же дают возможность выявления внутривидовых группировок (гаплотипов) у широко распространенных групп паразитов, оценивать инвазивный потенциал и расселение паразитических организмов.

Целью наших исследований изучения некоторых видов цестод от рыб бассейна реки Зарафшан основанных на анализе нуклеотидных последовательностей.

Материал и методы исследований

Определение цестод, выделенных у рыб из бассейна реки Зарафшан проводили с использованием морфологических критериев и результатов анализа нуклеотидных последовательностей.

Особь цестод, извлеченные из спиртового фиксатора, ополаскивали в автоклавированной воде и изучали под бинокулярным микроскопом. С помощью определителей гельминтов рыб [1]. и под руководством к.б.н С.Г. Соколова (Россия), выявленные особи цестод были определены до рода (группы родов), после чего от каждой особи цестод отделяли фрагмент размером около 2-5 кубических миллиметров и переносили в чистый 70% спирт. Оставшуюся часть гельминта сохраняли в первоначальном фиксаторе, в качестве морфологического образца (ваучера). Все исследованные нами пробы представлены в таблице.

Предназначенные для выделения ДНК фрагменты тела ополаскивали в растворе автоклавированной воды и использовали для выделения ДНК колонками. Для экстракции ДНК цестод использовали колонки Wizard®SV Genomic DNA Purification System (Promega, Madison, USA). От 0.8 до 1.6 мкл полученного раствора ДНК использовали при постановке полимеразной цепной реакции на основе набора для ПЦР - Encyclo Plus PCR kit® (Evrogen, Moscow, Russia).

Таблица-1

Полученные ПЦР продуктов для разных участков ядерной и митохондриальной ДНК пробы цестод рыб Узбекистана

№ п.п.	Описание пробы цестод	18S rDNA	CoxI mtDNA
UC1	<i>Ligula</i> от серебряного карася <i>Carassius gibelio</i>	+	+
UC2	<i>Ligula</i> от серебряного карася <i>Carassius gibelio</i>	+	+(неполная)
UC3	<i>Ligula</i> от красноперки <i>Scardinius erythrophthalmus</i>	+	+(неполная)
UC4	<i>Ligula</i> от серебряного карася <i>Carassius gibelio</i>	+	+
UC5	<i>Ligula</i> от серебряного карася <i>Carassius gibelio</i>	+	+
UC6	<i>Ligula</i> от воблы <i>Rutilus caspicus</i>	+	+
UC7	<i>Ligula</i> от серебряного карася <i>Carassius gibelio</i>	+	+(неполная)
UC8	<i>Proteocephalus osculatus</i> от сома <i>Silurus glanis</i>	+	-

Для получения последовательности малой субъединицы рибосомы - участка 18S рибосомальных повторов ядерной ДНК (= SSU rDNA) цестод были использованы праймеры WormA (5' GCCAATGGCTCATTAATCAG 3') и Worm B (5' CTTGTTACGACTTTTACTTCC 3') [6]. Для получения частичной последовательности гена цитохромоксидазы I (Cox I mtDNA)

митохондриального генома были использованы праймеры PBI-cox1F (CATTTTGCTGCCGGTCARCAATGTTTGTGRTTTTTTGG) and PBI-cox1R (CCTTTGTCGATACTGCCAAARTAAATGCATDGGRAA) [8].

Успешность проведения ПЦР оценивали электрофорезом 1 мкл продукта в 1% агарозном геле. Получив достаточное количество ПЦР-продукта его очищали в препаративном геле. Полоски соответствующей длины вырезали из геля, после чего ПЦР-продукт извлекали из «кубиков» геля с помощью набора Eurogene Cleanup Standard kit (Eurogene®, Moscow, Russia) или колонках «S-ар» той же фирмы. Очищенный в геле ПЦР-продукт дополнительно очищали преципитацией этанолом с добавлением 5М раствора ацетата аммония. Количество ДНК в очищенном продукте оценивали на спектрофотометре Thermo Scientific NanoDrop 2000. Секвенирование проводили в ЦКП «Генотех» при Институте молекулярной биологии РАН (Москва, Россия). Полученные из ЦКП «Генотех» хроматограммы (в формате ab1) анализировали в программе Chromas 2.6.6. (Technelium Ltd.) и переводили в FASTA формат. Полученные нуклеотидные последовательности анализировали с помощью алгоритма BLAST, что позволяло определить круг наиболее близких к изучаемым формам видов паразитических организмов. Отбор данных для анализа предполагал включение в состав сравниваемых видов всех родственных форм, а также нуклеотидных последовательностей представителей другого рода для использования в качестве “outgroup”. Выравнивание строили в программе Clustal X[10]. Для получения прямоугольной матрицы, полученное переводили в формат msf, после чего несовпадающие у разных форм фланкирующие последовательности удаляли в программе Genedoc [7]. Прямоугольную матрицу экспортировали в aln-формат и анализировали в программе MEGAX [9].

Полученные деревья непосредственно копировали из MEGAX и переносили в графический редактор для окончательного оформления. Анализ проводили тремя различными методами: максимальной парсимонии (MP), присоединения ближайшего соседа (NJ) и максимального правдоподобия (ML). Для последнего метода определяли подходящую модель с помощью имеющейся в пакете MEGAX опции.

Результаты исследования

Для первичной оценки таксономической принадлежности цестод от рыб бассейна реки Зарафшан, нами было проведено амплифицирование участка 18S rDNA. Поиск в NCBI GenBank сходных последовательностей с помощью алгоритма BLAST выявил ряд родственных форм для образцов UC1 и UC8. Как можно видеть на рис. 1А лигулы из образца UC1 оказались близкими по последовательности 18S rDNA к *Ligula intestinalis* (Linnaeus, 1758) и *Digramma interrupta* (Rudolphi, 1810). Образец UC8 показал родство с цестодой *Tetrabothris forsteri*, а также другими цестодами-протеоцефалидами. Отметим, что именно такое определение (как представители сем. Proteocephalidae) было предложено С.Г. Соколовым. В то же время, учитывая значительную консервативность участка 18S rDNA, более точное определение

таксономической принадлежности по этому маркеру невозможно. Для этого нами был исследован более изменчивый участок генома, а именно – частичная последовательность гена цитохромоксидазы I (*CoxI* mtDNA) митохондриального генома.

Последовательности этого митохондриального гена были получены для четырех образцов из восьми имеющихся. Нам не удалось получить последовательность *Cox I* mtDNA для единственного образца цестод-протеоцефалид. Для образцов лигул UC2, UC3 и UC7 были получены лишь короткие прочтения, которые подтвердили их идентичность более полным прочтениям. Из дальнейшего анализа эти образцы были исключены.

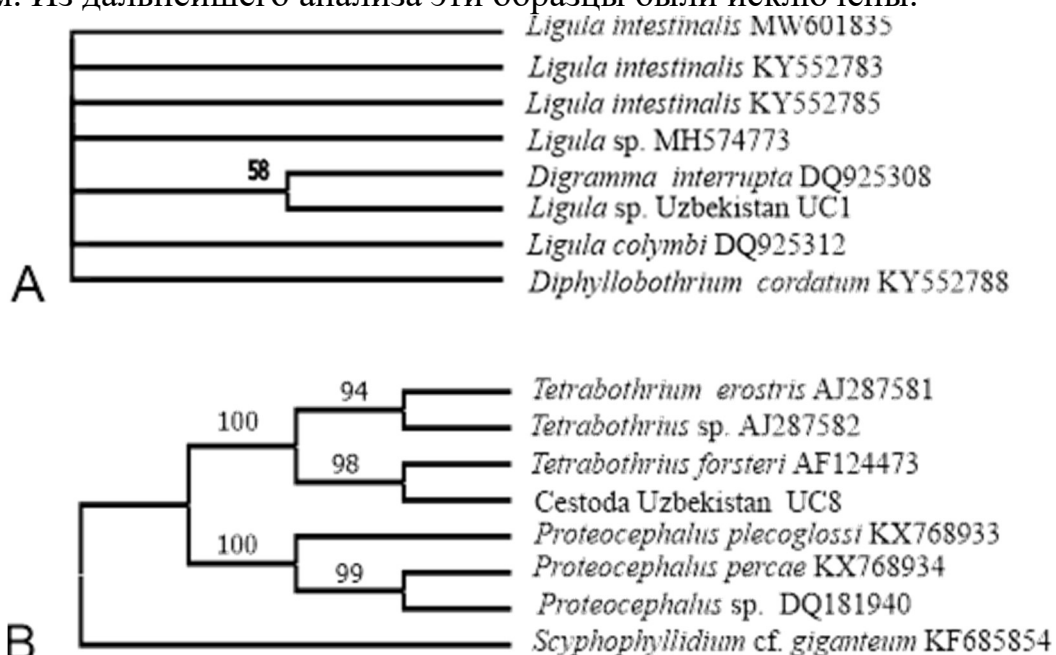


Рис.1. А – филогенетические связи образца цестод UC1 (анализ методом максимального правдоподобия, модель K2); В – филогенетическое родство образца цестод UC8 (анализ методом максимального правдоподобия, модель HKY+G)

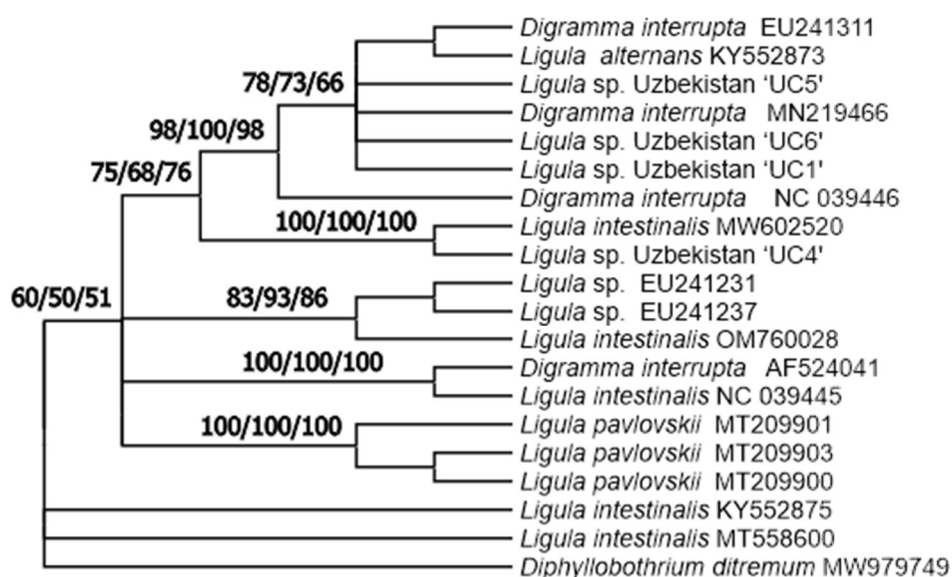


Рис.2. Филогенетические связи четырех образцов лигул от рыб бассейна реки Зарафшан, по результатам анализа участка *Cox I* mtDNA. Значение статистической (bootstrap) поддержки даны в формате MP/NJ/ML.

На рисунке 2 можно видеть, что изученные лигулы относятся к двум кладам полученного филогенетического древа. Один из образцов (UC1) показал 100%-ное сходство с последовательностью *Ligula intestinalis*, депонированной под номером MW602520. Эта последовательность была получена от взрослых лигул, полученных от тюленей *Pusa hispida* в Финляндии[4]. Три остальные пробы попадают в одну филогенетическую группу со средним уровнем поддержки с последовательностями, депонированными как полученные от *Digamma interrupta* и *Ligula alternans*. Среди образцов *D. interrupta* «родственных» образцам отметим *D. interrupta* от востробрюшек озера Ханка [2, 5]. *D. interrupta* от неопределенных до вида рыб озера Уху в провинции Аньхой Китая (X. Shen, данные депонированные в генбанке NCBI - MN219466). Примечательно, что образец *L. alternans* также происходит от востробрюшек бассейна Амура в России [11].

Заключение. Таким образом в бассейне реки Зарафшан выявлено определенное генетическое разнообразие цестод рода *Ligula*. Судя по результатам анализа последовательностей митохондриального гена цитохромоксидазы 1 исследованные нами образцы относятся к двум филогенетическим кладам в пределах этого рода. Лигула из одной клады показывает полное сходство с *Ligula intestinalis* из Северной Европы, тогда как лигулы из другой клады демонстрируют близость к представителям этого рода, а также формам, идентифицированным как *Digamma interrupta* из Восточной Азии. Таким образом, в фауне лигул бассейна реки Зарафшан выявлены представители фаун как западной, так и восточной Евразии. Анализ последовательностей 18S rDNA образца цестод-протоцефалид от сома подтвердил близость их к представителям родов *Glanitaenia* и *Proteocephalus*. Для точного определения этих цестод требуется изучения более изменчивых и информативных локусов. Представляется также необходимым разрешить вопрос о правомочности идентификации выявляемых паразитов как *Digamma interrupta* при достоверном высоком сходстве этих форм с представителями рода *Ligula*.

Список использованных работ

1. Дубинина М.Н. Клас Ленточные черви – Cestoda // В кн.: Определитель паразитов пресноводных рыб фауны СССР. – Л.: Наука, 1987. Том.32. - С. 5-76.
2. Bouzid,W., Stefka,J., Hypsa,V., Lek,S., Scholz,T., Legal,L., Ben Hassine,O.K. and Loot,G. Geography and host specificity: two forces behind the genetic structure of the freshwater fish parasite *Ligula intestinalis* (Cestoda: Diphyllbothriidae). International Journal of Parasitology. 2008. 38 (12), 1465-1479.
3. Gasser, R.B. Molecular tools - advances, opportunities and prospects. Veterinary Parasitology. 2006;136 (2): 69-89.

4. Fraija-Fernandez,N., Waeschenbach,A., Briscoe,A.G., Hocking,S., Kuchta Resource,R., Nyman Resource,T. and Timothy J Littlewood,D. Evolutionary transitions in broad tapeworms (Cestoda: Diphyllbothriidea) revealed by mitogenome and nuclear ribosomal operon phylogenetics. *Molecular Phylogenetics and Evolution*. (2021) 107262, doi: 10.1016/j.ympev.2021.107262.
5. Loot, G. Geography and host specificity: two forces behind the genetic structure of the freshwater fish parasite *Ligula intestinalis* (Cestoda: Diphyllbothriidae) *International Journal of Parasitology*, 2008; 38 (12), 1465-1479.
6. Littlewood, D., Olson, P. Small subunit rDNA and the platyhelminthes: Signal, noise, conflict and compromise. In Littlewood, D., Bray, R., *Interrelationships of the Platyhelminthes* New York: Taylor Francis Inc. 2001, P. 262-278.
7. Nicholas K., Nicholas H. Gene Doc: A tool for editing and annotating multiple sequence alignments. 1997.
8. Scholz, T., De Chambrier A., Kuchta, R., D. T. J. Littlewood, D.T.J., Waeschenbach A. *Macrobothriotaenia ficta* (Cestoda: Proteocephalidea), a parasite of sunbeam snake (*Xenopeltis unicolor*): example of convergent evolution. *Zootaxa* 2013, 3640 (3): 485–499.
9. Stecher, G., K. Tamura, S., Kumar. Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) for macos. *Molecular Biology and Evolution*, 2020, 37:1237 – 1239
10. Thompson, J., Higgins, D., Gibson, T. Clustal W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment though sequence weighting, position gap penalties and weight matrix choice. *Nucleic Acids Research*, 1994; 22, 4673 - 4680.
11. Waeschenbach, A., Brabec, J., Scholz, T., Littlewood, D.T.J. Kuchta, R. The catholic taste of broad tapeworms - multiple routes to human infection *International Journal for Parasitology*, 2017; 47(13): 831-843.

BIOTECHNOLOGICAL POTENTIAL OF BIOCHAR FOR SOIL CARBON SEQUESTRATION

Umarova Muhayyo Fayzulla qizi

*Master's student at the Jizzakh Branch of the National University of
Uzbekistan named after Mirzo Ulugbek.*

Murodova Sayyora Sobirovna

*Professor, Jizzakh Branch of the National University of Uzbekistan named
after Mirzo Ulugbek.*

Abstract. This study examines the biotechnological potential of biochar for soil carbon sequestration. Biochar produced through the pyrolysis of agricultural biomass under oxygen-limited conditions, can contribute to long-term carbon storage in soil. Its application may improve soil properties, support microbial activity, and enhance soil organic carbon stabilization. Biochar therefore represents a promising approach for climate change mitigation and sustainable soil management.