

**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.

djakartensis NSS-3 with its anticancer, antimicrobial, and radioprotective properties // Microbial Cell Factories. — 2024. — Vol. 23. — Art. 20.

6. Ramesh C., Vinithkumar N.V., Kirubakaran R., Venil C.K., Dufossé L. Applications of Prodigiosin Extracted from Marine Red Pigmented Bacteria *Zooshikella* sp. and Actinomycete *Streptomyces* sp. // Microorganisms. — 2020. — Vol. 8(4). — Art. 556.

7. Ramesh C., Anwesh M., Vinithkumar N.V., Kirubakaran R., Dufossé L. Complete Genome Analysis of Undecylprodigiosin Pigment Biosynthesizing Marine *Streptomyces* Species Displaying Potential Bioactive Applications // Microorganisms. — 2021. — Vol. 9(11). — Art. 2249.

8. Exploring pigment-producing *Streptomyces* as an alternative source to synthetic pigments: diversity, biosynthesis, and biotechnological applications. A review // World Journal of Microbiology and Biotechnology. — 2025.

9. Bekmukhamedova N.K., Mavjudova A.M., Zaynitdinova L.I., Lazutin N.A., Gulyamova T.G., Ruzieva D.M., Abdulmyanova L.I. Pigment forming Actinomycete strain and its biotechnological potential // Chin J Ind Hyg Occup Dis, 2021, 751-759. <https://doi.org/10.5281/zenodo.5790604>

10. Bekmukhamedova N., Zainitdinova L., Mamiev M. Antagonistic activity of pigment-forming streptomycetes isolated from various anthropogenic zones of Tashkent, Uzbekistan // E3S Web of Conferences 371, 01029 (2023) AFE-2022 <https://doi.org/10.1051/e3sconf/202337101029>

11. Nigora K. Bekmukhamedova, Lyudmila I. Zaynitdinova, Dilorom M. Ruzieva, Kseniya V. Kondrasheva, Javlon J. Tashpulatov Pigment synthesizing strain *Streptomyces iakyrus* ACT-P-20 // ACTA MICROBIOLOGICA BULGARICA Volume 41 / 1 (2025)/ 94-101. <https://actamicrobio.bg/archive/issue-1-2025/amb-1-2025-article-12.pdf>

SOYA GENOMIDA *ESK1* GENINING ORTOLOGINI ANIQLASH VA ULARNI BIOINFORMATIK ANNOTATSIYA QILISH NATIJALARI

*Yusupov Abdurahmonbek Nodirjon o'g'li, Ayubov Mirzakamol
Sobitjonovich, Mamajonov Bexzod Orifjon o'g'li, Obidov Nuriddin Shuhratjon
o'g'li, Murodov Anvarjon Adhamjon o'g'li, Bashirxonov Ziyodullo Hakimullo
o'g'li, Abdurahmonov Ibrohim Yulchiyevich*
+998937811162

yusupova0107@gmail.com

Annotatsiya: *TBL* (TRICHOME BIREFRINGENCE-LIKE) genlar kichik oilasi vakili *ESK1* (*ESKIMO1*, *XOAT1*, *TBL29*) geni o'simliklarning osmotik stresslar xususan, sovuq, sho'r hamda qurg'oqchilik stresslariga moslashishining salbiy regulyatori sifatida ma'lum. Quyida soya (*Glycine max* (L.) Merr.) genomidagi *ESK1* geni va uning ortologlarining funksional va bioinformatik tahlili bayon qilinadi.

Kalit so'zlar: *Glycine max*, *ESK1*, abiotik stress, *TBL29*, *XOAT1*

Bugungi kunda stress omillariga nisbatan javob reaksiyalarini hosil qilishga aloqador *NAC*, *bHLH*, *MAPK*, *bZIP* va *HSF* kabi bir qator transkripsiya omillari oilalari o‘simlik genomlarida yaxshi o‘rganilgan va funksional jihatdan yaxshi tavsiflangan [1]. Bundan tashqari, o‘simlik genomlari yuqori konservativ domenlarni o‘z ichiga oladigan va stresslar paytida o‘simliklardagi turli metabolitik jarayonlarda hal qiluvchi vazifalarni bajaradigan, stresslar ta‘sirini kamaytirish asnosida ekspressiyalanuvchi ko‘plab genlarga ega. Ushbu potensial gipotetik domenlarga ega bo‘lgan genlar funksiyalari to‘liq aniqlanmagan domenlar (DUF – domain of unknown functions) sifatida ma’lum [2]. Bu oila o‘simlik spetsifik gen oilasi bo‘lib, hayvonlar yoki zamburug‘larda ushbu oila gomologlari uchramaydi. Oilaning barcha a‘zolarida ikki konservativ domen — N-terminalda *TBL* domeni va C-terminalda *DUF231* domeni mavjud. Ushbu oilaga mansub genlar funksional jihatdan asosan gemisellyuloza polisaxaridlarining O-atsetillanishida ishtirok etadi. Ular o‘simlik hujayra devorining turli polisaxarid komponentlarini atsetillashda substrat spetsifik bo‘lib, ba’zi vakillari ksilanni atsetillaydi, ba’zilar esa ksiloglyukan yoki boshqa polimer substratlarni atsetillashda ishtirok etadi [3].

DUF oilasining a‘zolari funksiyasi dastlab “noma’lum” deb belgilangan bo‘lsa-da, keyinchalik ba’zi o‘simliklarning turli abiotik stress omillariga chidamliligini yaxshilashda ishtirok etishi bir qator taqdiqotchilar tomonidan o‘rganilgan. Xususan, Zhao va Waseem tomonidan sholidagi *DUF936*, *DUF810*, *DUF1618*, *DUF866* va *DUF221* gen oilalari va arabidopsisdagi *DUF724* va *DUF581* gen oilalari abiotik stressga qarshi muhim rol o‘ynashi aniqlanilgan [1; 4]. Shuningdek, yovvoyi turdagi *Arabidopsis thaliana* hujayrasida sho‘rlanish stressi ta‘siri vaqtida faollashadigan tarkibida *DUF581* domeniga ega *TaSRHP* geni, *Caragana intermedia* genomidagi *CiDUF4228-3* geni, sholidagi *OsSIDP366* geni ekspressiyasini ortishi past harorat, suvsizlanish va qurg‘oqchilik sharoitida o‘simliklarni normal o‘sishini saqlab qolishga imkon berishi aniqlanilgan [5; 6].

DUF domenlari orasida *DUF231* oilasi alohida ahamiyatga ega bo‘lib, 45 dan ortiq vakillarni o‘z ichiga oladi. Ular orasida *TBL* (TRICHOME BIREFRINGENCE-LIKE) genlar kichik oilasi vakili *ESK1* (*ESKIMO1*, *XOAT1*, *TBL29*) geni o‘simliklarning osmotik stresslar xususan, sovuq, sho‘r hamda qurg‘oqchilik stresslariga moslashishining salbiy regulyatori sifatida ma’lum. *ESK1* geni birinchi marta 1998-yilda Xin va Browse tomonidan *A. thaliana* mutantlarida sovuqqa nisbatan chidamlilikni ta‘minlashga aloqador gen sifatida aniqlangan [7]. Keyinchalik, Yuan va hamkorlari tomonidan o‘tkazilgan tadqiqotlar *TBL* kichik oilasi vakillari *ESK1*, *TBL3* va *TBL31* o‘zaro funksional redundantlikda hujayraning ikkilamchi devorida ksilandagi 3-O-monoacetillanishni ta‘minlashini ko‘rsatdi. *TBL32* va *TBL33* esa *ESK1* ning yaqin homologlari sifatida 3-O-acetillanish reaksiyalarida ishtirok etadi. [8]. Shuningdek, 2017-yilda olib borilgan keng ko‘lamli biokimyoviy tahlillar *TBL28*, *ESK1/TBL29*, *TBL30*, *TBL3*, *TBL31*, *TBL32*, *TBL33*, *TBL34* va *TBL35* - to‘qqiz ta *DUF231* proteinning rekombinant shakli *in vitro* sharoitida ksilan O-atsetiltransferaza aktivligini namoyon etishi isbotlandi [9]. *ESK1* geni o‘simliklarning o‘tkazuvchi naylar tizimini normal rivojlanishi bilan

bog‘liq bo‘lgan gen sifatida ham ma’lum. Bu esa o‘simlikning osmotik stress reaksiyalari bilan bevosita bog‘liq deb taxmin qilinadi.

Bizning taqdiqotlarimizda *ESK1* geni va u kodlaydigan oqsilning soya genomidagi potensial ortologlarini aniqlash maqsadida model o‘simlik *A.thaliana* dagi *ESK1* (*AT3G55990.1*) oqsilining aminokislota ketma-ketliklari asosida bioinformatik tahlillar amalga oshirildi. Buning uchun TAIR ma’lumotlar bazasidan *AtESK1* oqsilining to‘liq aminokislota ketma-ketligi yuklab olindi. Olingan ketma-ketliklar SoyBase, Ensembl Plant hamda Phytozome v14 kabi bir qator ma’lumot bazalarida BLASTP algoritmi yordamida soya genomiga nisbatan taqqoslandi. Tahlillar natijasida yuqori o‘xshashlik darajasiga ega bo‘lgan bir nechta nomzod oqsil ortologlari aniqlandi. Ushbu ortologlar E-value, muvofiqlik foizi (% identity) va qamrov (query coverage) chuqurligi kabi mezonlar asosida saralab olindi.

Phytozome hamda SoyBase ma’lumot bazalarida Williams 82 Assembly 6 Annotation 1 Protein Sequences (Wm82.a6.v1) oqsil databases asosida o‘tkazilgan BLASTP tahlili natijalariga ko‘ra, *AtESK1* oqsiliga eng yaqin ortolog *Glyma.18G026200.1*, *Glyma.14G058500.1* hamda *Glyma.02G258000.1* ekanligi aniqlandi. Ma’lumot bazalarida olib borilgan tahlillarimizda *Glyma.18G026200.1* Phytozome v14 ma’lumot bazasida *PROTEIN ESKIMO 1* sifatida, *Glyma.14G058500.1* hamda *Glyma.02G258000.1* esa PTHR32285:SF355 - PMR5_CAS1P GDSL_SGNH-LIKE ACYL-ESTERASE FAMILY PROTEIN sifatiqa qayd etilganligi aniqlandi. Yuqoridagilarni hisobga olgan holda, *Glyma.18G026200.1*, *Glyma.14G058500.1* hamda *Glyma.02G258000.1* oqsillar ortasidagi paraloglik darajasini aniqlash maqsadida bir qator bioinformatik tahlillarni amalga oshirdik. Dastlab, *Glyma.18G026200.1*, *Glyma.14G058500.1*, *Glyma.02G258000.1* oqsillari va soya genomidagi TBL oilasiga mansub bir qator oqsillar filogenetik tahlil qilindi. Tahlil natijalariga ko‘ra, *Glyma.14G058500.1*, *Glyma.02G258000.1* bitta monofiletik guruhda joylashdi va o‘zaro yaqin ekanligi aniqlandi. *Glyma.18G026200.1* esa *Glyma.14G058500.1* va *Glyma.02G258000.1* oqsillari bilan bitta kladada joylashgan bo‘lsada, ular bilan bitta monofiletik guruhda joylashmadi. Bu esa ular struktura jihatidan o‘xshash bo‘lsada, evolyutsiya jarayonida divergensiyaga uchragan bo‘lish mumkin degan farazni ilgari surishimizga sabab bo‘ldi. Ushbu farazni ilmiy asosda to‘g‘ri yoki noto‘g‘ri ekanligini aniqlash maqsadida, ular o‘rtasida evolyutsion yaqinlik va divergensiya tahlilini o‘tkazdik. Natijada, ular o‘rtasida nisbatan uzoq genetik masofa borligi aniqlandi.

Shuningdek, yuqoridagi natijalarni ishonchliligini yanada mustahkamlash maqsadida, paralog genlarning ajralish vaqti va ular orasidagi evolutsion munosabatlarni matematik tahlil qilish uchun K_s (Sinonimik almashtirishlar tezligi) va K_a (Non-sinonimik almashtirishlar tezligi) koeffitsiyentlarini hisoblash amalga oshirildi. Natijada, soyaning TBL oilasiga mansub yuqoridagi uchta oqsillar o‘rtasidagi selektiv bosim va divergensiya vaqtlari aniqlandi. Unga ko‘ra, *Glyma.14G058500.1* va *Glyma.02G258000.1* oqsil juftligi o‘rtasidagi K_a/K_s koeffitsiyenti 0.1421 ni tashkil etib, ushbu paralog genlar evolyutsiya davomida kuchli tozalovchi seleksiya (Purifying selection) bosimi ostida bo‘lganligi ma’lum

bo'ldi. Sinonimik almashtirishlar tezligi (K_s) asosida o'tkazilgan xronologik hisob-kitoblar ushbu ikki oqsilning o'zaro ajralishi taxminan ~12.39 million yil avval (Mya), ya'ni Glycine avlodiga xos bo'lgan butun genom duplikatsiyasi (WGD) davrida sodir bo'lganini ko'rsatdi. *Glyma.18G026200.1* oqsili esa yuqorida qayd etilgan paralogik juftlikdan ancha qadimiy davrda — taxminan ~54.73 va ~57.11 million yil avval ajralib chiqqanligi aniqlandi. Bu davr dukkakkdoshlar oilasining qadimgi shakllanish bosqichidagi (59 Mya) poliploidizatsiya hodisasiga to'g'ri keladi.

Yuqoridagilarga asoslanib, *Glyma.18G026200.1* oqsili o'zining qadimgi divergensiya davri va yuqori genetik o'ziga xosligi tufayli, o'simlik fiziologiyasida mustaqil funksional rolga ega ekanligini taxmin qilish mumkin. Ushbu paralog genlar orasida subfunksionallashuv va neofunksionallashuv hodisasini ilmiy asosda isbotlash maqsadida ularni kodlaydigan genlarning promotor sohasidagi cis-regulyator elementlar (CREs) joylashuvi va tarkibi bioinformatik tahlil qilindi. Tahlil natijalari shuni ko'rsatdiki, *Glyma.02G258000.1* va *Glyma.14G058500.1* genlari cis-elementlar tarkibi bo'yicha yuqori darajada o'xshashlikni saqlab qolgan. Biroq, *Glyma.18G026200.1* genining promotorida meristema (CAT-box) va mezofill (HD-Zip 1) rivojlanishiga aloqador o'ziga xos motiflarning paydo bo'lishi, shuningdek, ABRE klasterlarining ko'payishi, ushbu guruhda gen dublikatsiyasidan keyin subfunksionallashuv hamda neofunksionallashuv jarayonlari sodir bo'lganligidan dalolat beradi. Bu esa o'simlikning umumiy va to'qima-spesifik abiotik stressga chidamliligini ta'minlashda ushbu paraloglarning mustaqil va koordinatsiyalashgan holda ishlashini ko'rsatadi.

Foydalanilgan adabiyotlar.

1. Waseem M. The DUF221 domain-containing (DDP) genes identification and expression analysis in tomato under abiotic and phytohormone stress. / Waseem M., M. M. Aslam, I. Shaheen // GM Crops Food - 2021. - P. 1–14.
2. Zaynab M. ATP-binding cassette transporters expression profiling revealed its role in the development and regulating stress response in *Solanum tuberosum*. / Zaynab M., Z. Wang, A. Hussain, K. Bahadar, M. Sajid, Y. Sharif, M. Azam, K. Sughra, M. A. Raza, K. A. Khan, S. Li // Mol. Biol. Rep - 2021 Bischoff V. TRICHOME BIREFRINGENCE and its homolog AT5G01360 encode plant-specific DUF231 proteins required for cellulose biosynthesis in *Arabidopsis*. / Bischoff V., S. Nita, L. Neumetzler, D. Schindelasch, A. Urbain, R. Eshed, S. Persson, D. Delmer, W. R. Scheible // Plant Physiol - 2010. - Vol. 153(2). - P. 590-602. - doi: 10.1104/pp.110.153320
3. Zhao J. Genome-wide identification of the DUF668 gene family in cotton and expression profiling analysis of GhDUF668 in *Gossypium hirsutum* under adverse stress. / Zhao J., P. Wang, W. Gao, Y. Long, Y. Wang, S. Geng, X. Su, Y. Jiao, Q. Chen, Y. Qu // BMC Genom - 2021. - Vol. 22. - P. 395.
4. Li M. Over-expression of a DUF1644 protein gene, SIDP361, enhances tolerance to salt stress in transgenic rice. / Li M., L. Guo, C. Guo, L. Wang, L. Chen // J. Plant Biol - 2016. - Vol. 59. - P. 62–73 Leng Z.-X. Genome-Wide Analysis of

the DUF4228 Family in Soybean and Functional Identification of GmDUF4228–70 in Response to Drought and Salt Stresses. / Leng Z.-X., Y. Liu, Z.-Y. Chen, J. Guo, J. Chen, Y.-B. Zhou, M. Chen, Y.-Z. Ma, Z.-S. Xu, X.-Y. Cui // Front. Plant Sci - 2021. - Vol. 12. - P. 628299. -

5. Xin Z. Arabidopsis ESK1 encodes a novel regulator of freezing tolerance. / Xin Z., A. Mandaokar, J. Chen, R. L. Last, J. Browse // Plant J - 2007. - Vol. 49(5). - P. 786-799. - doi: 10.1111/j.1365-313X.2006.02994.x

6. Yuan Y. Roles of Arabidopsis TBL34 and TBL35 in xylan acetylation and plant growth. / Yuan Y., Q. Teng, R. Zhong, Z. H. Ye // Plant Sci - 2016. - Vol. 243. - P. 120-130. - doi: 10.1016/j.plantsci.2015.12.007

7. Zhong R. Regiospecific Acetylation of Xylan is Mediated by a Group of DUF231-Containing O-Acetyltransferases. / Zhong R., D. Cui, Z. H. Ye // Plant Cell Physiol - 2017. - Vol. 58(12). - P. 2126-2138.

PHYB GENI RNAi QILINGAN G'O'ZA LINIYALARIDA CpG, CHG VA CHH METILLANISH SHAKLLARINING QIYOSIY TAHLILI

Obidov Nurdinjon Shuhratjon o'g'li, Ayubov Mirzakamol Sobitjonovich, Mamajonov Bexzod Orifjon o'g'li, Yusupov Abduraxmon Nodirjon o'g'li, Murodov Anvarjon Adhamjon o'g'li, Bashirxonov Ziyodullaxon Hakimullox o'g'li

Annotatsiya. DNK metillanishi o'simlik genomining strukturaviy va funksional holatini boshqaruvchi muhim epigenetik mexanizmlardan biridir. O'simliklarda sitozinning metillanishi asosan CpG, CHG va CHH kontekstlarida amalga oshadi. Ushbu kontekstlar molekulyar mexanizmi, genomdagi taqsimlanishi va biologik funksiyasi jihatidan farqlanadi. CpG va CHG metillanishi simmetrik, CHH metillanishi esa assimetrik kontekstda sodir bo'ladi. G'o'zada DNK metillanishi gen ekspressiyasi, transpozonlar faolligi, genom barqarorligi va qimmatli xo'jalik belgilarini rivojlanishini boshqarishda muhim ahamiyatga ega. Mazkur maqolada *Gossypium hirsutum* L. *PHYB-RNAi* tizmalarining genomidagi metillanish xususiyatlari, ularning molekulyar mexanizmlari va WGBS yordamida qiyosiy tahlil qilish imkoniyatlari yoritilgan. Shuningdek, differensial metillangan hududlarni aniqlash hamda metillanish o'zgarishlarini gen ekspressiyasi bilan bog'lash masalalari ko'rib chiqilgan.

Kalit so'zlar: *Gossypium hirsutum* L., PHYB, RNAi, DNK metillanishi, CpG, CHG, CHH, WGBS, DMR, epigenom, RdDM, transpozon.

Kirish

DNK metillanishi genom faoliyatini epigenetik darajada boshqaruvchi muhim mexanizmlardan biri bo'lib, gen ekspressiyasini tartibga solish, transpozonlar faolligini cheklash va genom barqarorligini saqlashda ishtirok etadi. Jarayon sitozinning 5-uglerod atomiga metil guruhining birikishi natijasida 5-metilsitozin (5mC) hosil bo'lishi orqali amalga oshadi. O'simliklarda metillanish CpG, CHG va CHH kontekstlarida uchraydi. Bunda H o'rnida adenin (A), sitozin (C) yoki timin (T) nukleotidlarini bo'lishi mumkin. CpG va CHG metillanishi simmetrik