

**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.

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

kontekstga ega bo'lib, DNKning qarama-qarshi zanjirida ham metillanish uchun mos sitozi mavjud. CHH kontekstida esa bunday simmetriya mavjud emasligi sababli u assimetrik metillanish sifatida tavsiflanadi. Ushbu farq metillanishning saqlanish mexanizmlariga ham ta'sir qiladi [1].

O'simliklarda CpG, CHG va CHH metillanish shakllari bir xil kimyoviy modifikatsiyaga asoslangan bo'lsa-da, ularning genomdagi joylashuvi va saqlanish mexanizmlari farqlanadi. CpG metillanishi asosan nisbatan barqaror epigenetik belgilar bilan bog'liq bo'lib, uning saqlanishida DNA methyltransferase 1 (MET1) asosiy rol o'ynaydi. CHG metillanishi ham simmetrik kontekstga ega va uning saqlanishida asosan xromometilaza 3 (CMT3) ishtirok etadi. CHG metillanishi ko'pincha transpozonlar va geteroxromatin bilan bog'liq bo'lib, takrorlanuvchi ketma-ketliklar va transpozon elementlar transkripsion faolligini cheklashda muhim rol o'ynaydi [1].

CHH metillanishi esa assimetrik kontekstda sodir bo'ladi. Uning qarama-qarshi DNK zanjirida mos metillanadigan sitozi mavjud emasligi sababli, CHH metillanishini saqlash CpG va CHG ga nisbatan murakkabroq. O'simliklarda CHH metillanishining shakllanishida RNA-directed DNA methylation (RdDM) tizimi hamda CMT2 bilan bog'liq mexanizmlar muhim ahamiyatga ega [1,2]. G'o'zda uchala metillanish kontekstining tashqi muhit ta'sirida o'zgarishi aniqlangan. Fan va boshqalar to'liq genom bisulfit sekvenirlash (WGBS) yordamida qurg'oqchilik ta'sirida *G. hirsutum* genomidagi CpG, CHG va CHH metillanish profilida o'zgarishlar mavjudligini ko'rsatgan. Ayniqsa, CHH metillanishi tashqi muhit sharoitlariga nisbatan yuqori dinamiklik namoyon qilgan [3].

PHYB geni qizil va uzoq qizil nurlanishni qabul qiluvchi fitoxrom B fotoretseptorini kodlaydi va o'simlikning yorug'likka javobi, morfogenezi, rivojlanishi hamda stress reaksiyalarida muhim rol o'ynaydi. G'o'zda fitoxrom genlarining RNAi orqali susaytirilishi o'simlik rivojlanishi va tola sifatiga ta'sir qilishi ko'rsatilgan [4]. Shu sababli *PHYB-RNAi* tizmalarida yuzaga keladigan o'zgarishlarni nafaqat transkriptom, balki epigenom darajasida ham o'rganish muhimdir.

PHYB-RNAi tizmalarida *PHYB* transkriptining kamayishi fitoxrom B orqali amalga oshadigan yorug'likka javob reaksiyalarini o'zgartiradi. Natijada o'simlikning rivojlanishi, morfogenezi va fiziologik javoblarda molekulyar o'zgarishlar yuzaga kelishi mumkin.

Abdurakhmonov va boshqalar g'o'zda fitoxrom genining RNAi orqali susaytirilishi o'simlikning rivojlanishi va tola bilan bog'liq muhim belgilariga ta'sir qilishini ko'rsatgan [4]. Bu ma'lumot *PHYB* yorug'likka javob reaksiyasi bilan bog'liq genlar faoliyatini epigenetik jihatdan o'rganish uchun asos yaratadi. O'simliklarda kichik RNKlar DNK metillanishining RdDM mexanizmi orqali boshqarilishida ishtirok etishi mumkin. Ushbu jarayonda kichik RNKlar ma'lum genomik hududlarga metillanish mexanizmlarini yo'naltirishda, DNK metiltransferaza fermenti (DRM2) esa *de novo* DNK metiltransferaza sifatida ishtirok etadi [1]. Biroq *PHYB-RNAi* mavjudligi avtomatik ravishda DNK metillanishi oshganini anglatmaydi. Bunday bog'liqlikni aniqlash uchun WGBS,

kichik RNK sekvenslash va gen ekspressiyasi ma'lumotlarini birgalikda tahlil qilish talab etiladi.

PHYB-RNAi tizmalari genomining metillanish profilidagi o'zgarishlarni aniqlash maqsadida Geomika va bioinformatika markazi olimlari tomonidan ishlab mahalliy synB g'o'za tizmalarida WGBS tahlili amalga oshirildi. nazorat sifatida Null segregant (genetik konstruksiya segregasiyaga uchragan) o'simliklardan foydalanildi. Buning uchun dastlab yosh barglardan STAB usulida genom DNKsi ajratib olinib, sekvenirlash uchun kutubxona tayyorlandi. Sekvenirlash Illumina NextSeq 2000 platformasida amalga oshirildi. Sekvenirlash natijasida olingan xom ma'lumotlar nf-core/methylseq protokoli asosida bioinformatik tahlil qilindi. Olingan natijalarga ko'ra, *PHYB-RNAi* tizmasida 654 ta statistik jihatdan ishonchli differensial metillangan hududlar aniqlandi. Tahlillar natijasida DMRLarning asosiy qismi CHH kontekstiga to'g'ri kelishi aniqlandi. Mazkur kontekstda jami 423 ta DMR qayd etilib, bu umumiy DMRLarning 64.7% qismini tashkil etdi. CHH kontekstidagi differensial metillanish yuqori darajada gipermetillanish tomon siljigan bo'lib, aniqlangan DMRLarning 393 tasi (92.9%) gipermetillangan (Hyper), atigi 30 tasi (7.1%) esa gipometillangan (Hypo) holatda ekanligi kuzatildi. Ushbu natijalar CHH kontekstida de novo DNK metillanish (RNK-vositasi) DNK metillanishi (RdDM) jarayonlari faollashganligini va epigenetik qayta dasturlanish asosan metillanishning ortishi bilan kechganligini ko'rsatadi. Hozirgi ushbu tadqiqod davom etmoqda va morfologik belgilar bilan metillanish profilidagi o'zaro bog'liqlik belgilari o'rganilmoqda.

Foydalanilgan adabiyotlar ro'yxati

1. Law, J. A., & Jacobsen, S. E. (2010). Establishing, maintaining and modifying DNA methylation patterns in plants and animals. *Nature Reviews Genetics*, 11, 204–220. <https://doi.org/10.1038/nrg2719>.
2. Song, Q., Guan, X., & Chen, Z. J. (2015). Dynamic roles for small RNAs and DNA methylation during ovule and fiber development in allotetraploid cotton. *PLoS Genetics*, 11(12), e1005724. <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1005724>.
3. Fan, W., et al. (2017). Single-base resolution methylomes of upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.) reveal epigenome modifications in response to drought stress. *BMC Genomics*, 18, 386. <https://doi.org/10.1186/s12864-017-3681-y>.
4. Abdurakhmonov, I. Y., Buriev, Z. T., Saha, S., Jenkins, J. N., Abdurakarimov, A., & Pepper, A. E. (2014). Phytochrome RNAi enhances major fibre quality and agronomic traits of the cotton *Gossypium hirsutum* L. *Nature Communications*, 5, 3062. <https://doi.org/10.1038/ncomms4062>.