4-SHO‘BA ILMIY G‘OYALAR VA ZAMONAVIY YECHIMLAR

Nukus · 16.10.2026

Nukus shahridan olingan Melilotus officinalis (L.) Lam. namunasining xloroplast matK geni ketma-ketligi asosida molekulyar-genetik identifikatsiyasi

Eshanova Gulistan tayanch doktorant

Qoraqalpog‘iston qishloq xo‘jaligi va agrotexnologiyalar instituti

gulistaneshanova5@gmail.com

DOI 10.66073/ReFocus-Conf/1610158

Iqtibos uchun: Eshanova Gulistan. Nukus shahridan olingan Melilotus officinalis (L.) Lam. namunasining xloroplast matK geni ketma-ketligi asosida molekulyar-genetik identifikatsiyasi // Orolbo‘yi hududida suvdan foydalanish samaradorligi va sho‘rlanishning qishloq xo‘jaligi ekinlari hosildorligi hamda aholi hayot faoliyatiga ta’sirini monitoring va nazorat qilish uchun iqlimga chidamli innovatsion texnologiyalarni ishlab chiqish: xalqaro ilmiy-amaliy konferensiya materiallari. – Nukus, 2026. – B. 594–597. – DOI: 10.66073/ReFocus-Conf/1610158

Annotatsiya. Maqolada Qoraqalpog‘iston Respublikasi Nukus shahri hududida o‘sgan dorivor qashqarbeda — *Melilotus officinalis* (L.) Lam. o‘simligining molekulyar-genetik identifikatsiyasi natijalari keltirilgan. Tadqiq qilinayotgan namunaning turga mansubligini tasdiqlash maqsadida xloroplast genomining *maturase K* (*matK*) genidan olingan fragmentdan foydalanildi. Nukleotidlar ketma-ketligi Sanger sekvenirlash usuli yordamida olindi.

Tahlil qilingan nukleotidlar ketma-ketligining uzunligi 499 juft asosni (bp) tashkil etdi. Tadqiqot uchun 2026-yil 20-mayda Nukus shahri hududidan yig‘ilgan o‘simlik namunasi genomi DNKsi olindi. Olingan ketma-ketlik tarkibida 148 ta adenin (A), 76 ta sitozin (C), 66 ta guanin (G) va 209 ta timin (T) nukleotidi aniqlandi. GC tarkibi 28,46 %, AT tarkibi esa 71,54 % ni tashkil etdi.

Olingan *matK* gen fragmentidan *Melilotus officinalis* namunasining taksonomik mansubligini molekulyar jihatdan tasdiqlash uchun qo‘shimcha marker sifatida foydalanish mumkinligi ko‘rsatildi. Olingan nukleotidlar ketma-ketligi xalqaro GenBank/NCBI ma’lumotlar bazasiga depozit qilish uchun tayyorlandi.

Kalit so‘zlar: *Melilotus officinalis*, Qoraqalpog‘iston Respublikasi, *matK*, DNK-barkodlash, Sanger sekvenirlash, GenBank, molekulyar identifikatsiya.

Kirish

Orolbo‘yi tabiiy ekotizimlarining jadal transformatsiyasi sharoitida o‘zgargan tabiiy-iqlimiy sharoitlarda o‘sishga qodir o‘simlik turlarini o‘rganish alohida ahamiyat kasb etmoqda. Orol dengizining suv havzasi o‘rnida katta qurigan hududlarning shakllanishi natijasida yangi tabiiy tizim — Orolqum cho‘li vujudga keldi. Ushbu hudud o‘simlik qoplamining yuqori dinamikligi, tur tarkibining o‘zgaruvchanligi hamda sho‘rlanish, namlik tanqisligi, kuchli quyosh radiatsiyasi va substratning harakatchanligiga moslashgan o‘simlik jamoalarining bosqichma-bosqich shakllanishi bilan tavsiflanadi.

Qoraqalpog‘iston sharoitida o‘rganilishi ilmiy jihatdan qiziq bo‘lgan turlardan biri Fabaceae oilasiga mansub dorivor qashqarbeda — *Melilotus officinalis* (L.) Lam. hisoblanadi. Ushbu tur dorivor va yem-xashak ahamiyatiga ega bo‘lib, turli ekologik sharoitlarda o‘sish qobiliyatiga ega [1;2].

O‘simliklarni an’anaviy identifikatsiya qilish, asosan, ularning morfologik belgilariga asoslanadi. Biroq o‘zgaruvchan ekotizimlarni, ayniqsa, bir-biriga yaqin qarindosh turlar mavjud bo‘lgan sharoitlarni o‘rganishda faqat morfologik belgilar asosida identifikatsiya qilish yetarli bo‘lmasligi mumkin. Shu sababli molekulyar-genetik usullar o‘simliklarning taksonomik mansubligini aniqlashda muhim qo‘shimcha vosita hisoblanadi [3; 4]. Yopiq urug‘li o‘simliklarni

molekulyar identifikatsiya qilishda keng qo‘llaniladigan xloroplast markerlaridan biri *maturase K* (*matK*) genidir. Mazkur gen ketma-ketliklaridan turlarni identifikatsiya qilish, qiyosiy tahlil va filogenetik tadqiqotlarda foydalaniladi [4; 5].

Tadqiqotning maqsadi — Qoraqalpog‘iston hududida o‘suvchi *Melilotus officinalis* (L.) Lam. [8] o‘simligining xloroplast *matK* genidan fragment olish va uning molekulyar-genetik xususiyatlarini tavsiflash hamda olingan fragmentdan namunaning turga mansubligini molekulyar jihatdan tasdiqlashda foydalanish imkoniyatini baholashdan iborat.

Materiallar va metodlar

Tadqiqot obyekti sifatida Qoraqalpog‘istonning Nukus shahri hududidan yig‘ilgan *Melilotus officinalis* (L.) Lam. namunasi olindi. O‘simlik materiali 2026-yil 20-mayda yig‘ilgan. Tadqiq qilinayotgan namuna M.O. izolyati sifatida belgilandi. Molekulyar-genetik tahlil uchun o‘simlik materialidan ajratib olingan genom DNKsidan foydalanildi.

DNKni ajratish va sekvenirlash. Tadqiq qilinayotgan o‘simlik materialidan genom DNKsi ajratib olindi. Molekulyar identifikatsiya uchun xloroplast genomining *maturase K* (*matK*) geni tanlandi [6]. Amplifikatsiya qilingan fragment Sanger sekvenirlash usuli yordamida tadqiq qilindi. Olingan nukleotidlar ketma-ketligi Milliy biotexnologik axborot markazining (NCBI) xalqaro GenBank ma’lumotlar bazasiga depozit qilish uchun mos formatda tayyorlandi.

Olingan ketma-ketlikning uzunligi 499 juft asos (bp) ni tashkil etdi. Tadqiqotda to‘liq gen emas, balki uning bir qismi o‘rganilganligi sababli ketma-ketlik partial CDS, ya’ni qisman kodlovchi ketma-ketlik sifatida belgilandi.

Tadqiq qilingan namunaning sistematik holati quyidagicha:

- Podshohlik: Plantae;
- Bo‘lim: Tracheophyta;
- Sinf: Magnoliopsida;
- Tartib: Fabales;
- Oila: Fabaceae;
- Turkum: *Melilotus*;
- Tur: *Melilotus officinalis* (L.) Lam.

Tadqiqot natijalari

Olingan nukleotidlar ketma-ketligining tavsifi. Sanger sekvenirlash natijasida *maturase K* (*matK*) genining 499 juft asos uzunlikdagi fragmenti olindi. Tadqiq qilingan ketma-ketlikda quyidagi nukleotidlar aniqlandi (1-jadval):

1-jadval. Nukleotidlar ketma-ketligi

Nukleotid	Miqdori	Ulushi, %
A — adenin	148	29,66
C — sitozin	76	15,23
G — guanin	66	13,23
T — timin	209	41,88
Jami	**499**	**100,00**

Olingan ma’lumotlarga ko‘ra, ketma-ketlik tarkibida adenin miqdori 148 ta, sitozin 76 ta, guanin 66 ta va timin 209 tani tashkil etdi.

GC tarkibi quyidagi formula yordamida hisoblandi:

$$GC\ (\%) = (G + C) / N \times 100$$

bu yerda:

G — guanin nukleotidlari soni;

C — sitozin nukleotidlari soni;

N — barcha nukleotidlarning umumiy soni.

Tadqiq qilingan fragment uchun:

$$GC = (66 + 76) / 499 \times 100 = 28{,}46\ \%.$$

Shunga muvofiq, AT tarkibi 71,54 % ni tashkil etdi. Mazkur qiymatlar aynan 499 juft asosdan iborat tadqiq qilingan fragmentning nukleotid tarkibini ifodalaydi va o‘z-o‘zidan turning diagnostik belgisi hisoblanmaydi.

Annotatsiya qilingan fragmentning tuzilishi

Nukleotidlar ketma-ketligi yozuvida *matK* geni qisman kodlovchi ketma-ketlik sifatida: matK gene, partial CDS ko‘rinishida berilgan. Annotatsiya qilingan fragment koordinatalari:

gene <1..499 va CDS <1..499

ko‘rinishida belgilangan.

Bu yerdagi «<» belgisi to‘liq genning boshlanish qismi taqdim etilgan fragment chegarasidan tashqarida joylashganligini bildiradi. Demak, olingan ketma-ketlik *matK* genining to‘liq ketma-ketligi emas, balki uning ma’lum bir fragmentidir [7].

Annotatsiyada /codon_start=3 qiymati ham ko‘rsatilgan. Bu kodlovchi o‘qish ramkasi taqdim etilgan ketma-ketlikning uchinchi nukleotididan boshlanishini anglatadi. Olingan nukleotidlar ketma-ketligi maturase K oqsilining bir qismiga mos keladi.

Nukleotidlar ketma-ketligini GenBank bazasiga depozit qilish

Olingan ketma-ketlik GenBank/NCBI ma’lumotlar bazasiga taqdim etish uchun tayyorlandi. Hozirgi yozuvda accession number, ya’ni ro‘yxatga olish raqami, hali ko‘rsatilmagan. Yozuv tekshirilgandan va ma’lumotlar bazasi tomonidan qabul qilingandan so‘ng ketma-ketlikka noyob registratsiya raqami beriladi. Keyinchalik ushbu raqamdan tadqiqot natijalarini nashr etishda, filogenetik tahlillarda hamda turli geografik hududlardan olingan *Melilotus* namunalari ketma-ketliklarini taqqoslashda foydalanish mumkin.

Muhokama

Molekulyar markerlardan foydalanish Qoraqalpog‘iston o‘simliklar xilma-xilligini o‘rganish imkoniyatlarini sezilarli darajada kengaytiradi. Orol dengizining qurigan tubida zamonaviy o‘simlik qoplamining shakllanishi turli ekologik-geografik kelib chiqishga ega turlarning tarqalishi hamda o‘simlik jamoalarining bosqichma-bosqich qayta shakllanishi bilan kechmoqda. Bunday sharoitda alohida o‘simlik turlarining taksonomik mansubligini molekulyar usulda tasdiqlash hudud floristik tarkibining ishonchli ma’lumotlar bazasini shakllantirishda muhim ahamiyatga ega.

matK geni yopiq urug‘li o‘simliklarni o‘rganishda qo‘llaniladigan xloroplast molekulyar markerlaridan biridir. *Melilotus officinalis* uchun olingan 499 juft asos uzunlikdagi ketma-ketlik *Melilotus* turkumiga mansub boshqa vakillarning xalqaro genetik ma’lumotlar bazalarida mavjud bo‘lgan tegishli ketma-ketliklari bilan qiyosiy tahlil qilish uchun ishlatilishi mumkin.

Olingan ketma-ketlikdan Qoraqalpog‘iston bioxilma-xilligini kelgusida o‘rganishda foydalanish alohida qiziqish uyg‘otadi. Tadqiq qilingan namunani boshqa hududlarda o‘suvchi *M. officinalis* namunalari bilan taqqoslash Orolbo‘yi sharoitida o‘suvchi populyatsiyaning genetik o‘xshashlik darajasini va mumkin bo‘lgan o‘ziga xos xususiyatlarini baholash imkonini beradi.

Shu bilan birga, faqat bitta *matK* fragmentining ketma-ketligi butun populyatsiyaning genetik xilma-xilligini baholash uchun yetarli asos bo‘la olmaydi. To‘liqroq tahlil uchun turli yashash joylaridan olingan bir nechta namunalarni o‘rganish, tadqiqot namunalari sonini oshirish va *matK* bilan bir qatorda boshqa molekulyar markerlardan ham foydalanish maqsadga muvofiq.

Olingan natijalar Qoraqalpog‘iston sharoitida o‘suvchi yoki introduksiya qilinayotgan dorivor o‘simliklarning molekulyar ma’lumotlar bazasini yaratishda ham qo‘llanilishi mumkin. Bu, ayniqsa, dorivor, yem-xashak va resurs ahamiyatiga ega o‘simlik turlari uchun muhimdir.

Xulosa va tavsiyalar

Qoraqalpog‘iston Respublikasi Nukus shahri hududidan 2026-yil 20-mayda yig‘ilgan *Melilotus officinalis* (L.) Lam. namunasi molekulyar-genetik jihatdan o‘rganildi. Tadqiqot natijasida xloroplast genomining *maturase K* (*matK*) genidan uzunligi 499 juft asos bo‘lgan fragment olindi.

Olingan ketma-ketlik tarkibida 148 ta A, 76 ta C, 66 ta G va 209 ta T nukleotidi aniqlandi. Fragmentning GC tarkibi 28,46 %, AT tarkibi esa 71,54 % ni tashkil etdi.

Olingan ketma-ketlik *matK* genining qisman kodlovchi ketma-ketligi (partial CDS) hisoblanadi va *Melilotus officinalis* turini molekulyar jihatdan identifikatsiya qilish hamda yaqin qarindosh turlar bilan qiyosiy tahlil qilishda qo‘shimcha molekulyar marker sifatida foydalanilishi mumkin.

Nukleotidlar ketma-ketligining GenBank/NCBI ma’lumotlar bazasiga depozit qilinishi olingan natijalarni xalqaro ilmiy hamjamiyat uchun ochiq qilish hamda kelgusida *Melilotus* turkumining sistematikasi, filogeniyasi va genetik xilma-xilligini o‘rganishda foydalanish imkonini beradi.

Foydalanilgan adabiyotlar ro‘yxati

1. Матжанов Т.К., Орел М.М. Донник лекарственный (*Melilotus officinalis* (L.) Lam.) – растение многоцелевого использования и повышающее плодородие почвы. Қорақалпоғистон Республикасига хизмат қилган фан арбоби техника фанлари доктори С.Б. Бауатдиновнинг 80-йиллик юбилейига бағишланган «Деградацияланган тупроқларни қайта тиклашда маҳаллий минераллардан фойдаланишнинг самарадорлиги» мавзусидаги Республика миқёсида ўтказиладиган илмий-амалий анжуман тўплами, Қорақалпоғистон Республикаси, Нукус шаҳри, 6 март 2023 йил, 97-100 стр.
2. Орел М.М., Матжанова Х.К. Использование донника лекарственного (*Melilotus officinalis* (L.) Lam.) при восстановлении плодородия и естественного биоценоза почв в Каракалпакстане. Материалы международной научно-практической конференции «Инновационные основы сельскохозяйственных и биоэкологических исследований в регионе Приаралья», посвящённой 80-летию заслуженного деятеля науки Республики Каракалпакстан, доктора сельскохозяйственных наук, профессора, академика Мамбетназарова Б.С., 17 марта 2023 года, г. Нукус. 233-234 стр.
3. Kress W.J., Wurdack K.J., Zimmer E.A., Weigt L.A., Janzen D.H. Use of DNA barcodes to identify flowering plants. // Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America. — 2005. — Vol. 102, No. 23. — P. 8369–8374. https://doi.org/10.1073/pnas.0503123102.
4. Kress W.J., Erickson D.L. A two-locus global DNA barcode for land plants: The coding rbcL gene complements the non-coding trnH-psbA spacer region. // PLoS ONE. — 2007. — Vol. 2, No. 6. — e508.

https://doi.org/10.1371/journal.pone.0000508.
5. CBOL Plant Working Group. A DNA barcode for land plants. // Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America. — 2009. — Vol. 106, No. 31. — P. 12794–12797. https://doi.org/10.1073/pnas.0905845106.
6. Sanger F., Nicklen S., Coulson A.R. DNA sequencing with chain-terminating inhibitors. // Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America. — 1977. — Vol. 74, No. 12. — P. 5463–5467.

https://doi.org/10.1073/pnas.74.12.5463.
7. Hollingsworth P.M., Forrest L.L., Spouge J.L. et al. Choosing and using a plant DNA barcode. // PLoS ONE. — 2011. — Vol. 6, No. 5. — e19254. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0019254.
8. Royal Botanic Gardens, Kew. Plants of the World Online: *Melilotus officinalis* (L.) Lam. Kew Science. https://powo.science.kew.org/