

Date: 27th March-2026

**BACILLUS SUBTILIS DAGI LIPOPEPTID HOSIL QILUVCHI GENNI IN
SILICO SHAROITIDA ESCHERICHIA COLI GA TRANSFORMATSIYA QILISH
ORQALI ISHLAB CHIQUARISH TEXNOLOGIYASINI O'RGANISH.**

Choriyeva Sabina

O'zbekiston Milliy universiteti Jizzax filiali Biotexnologiya yo'nalishi 2- bosqich
magistranti

Murodova Sayyora Sobirovna

biologiya fanlari falsafa doktori (PhD)

O'zbekiston Milliy universiteti Jizzax filiali professori

Annotatsiya: Ushbu maqolada *Bacillus subtilis* dan *Escherichia coli* ga lipopeptid hosil qiluvchi genlarni muvaffaqiyatli ko'chirish va yuqori samaradorlik bilan ifodalash imkoniyatlarini in silico darajada o'rganadi.

Kalit so'zlar: *Bacillus subtilis*, lipopeptid, *srfA* gen klasteri, in silico, transformatsiya, *Escherichia coli*, bioinformatik tahlil.

Bacillus subtilis bakteriyasi biologik faol lipopeptidlarni, jumladan surfaktin, fengitsin va iturin kabi birikmalarni sintez qiluvchi model mikroorganizmlardan biri hisoblanadi. Ushbu lipopeptidlar antibakterial, antifungal va antiviral faollikka ega bo'lib, farmatsevtika, qishloq xo'jaligi va ekologiyada keng qo'llaniladi. Lipopeptid biosintezi NRPS (Non-Ribosomal Peptide Synthetase) tizimi orqali amalga oshadi va bu tizim modul tuzilishga ega bo'lib, har bir modul ma'lum aminokislotaning qo'shilishiga javob beradi. Shu sababli, *srfA* gen klasteri kabi biosintetik genlarning tuzilishi va funksional tahlili biotexnologik ishlab chiqarish uchun muhim ahamiyat kasb etadi.

Mazkur tadqiqotning maqsadi *Bacillus subtilis* 168 shtammi genomidagi *srfA* gen klasterini bioinformatik usullar yordamida o'rganish va uni *Escherichia coli* tizimiga in silico sharoitida transformatsiya qilish imkoniyatlarini baholashdan iborat bo'ldi. Tadqiqotda GenBank ma'lumotlar bazasidan *srfA* genining nukleotid ketma-ketligi FASTA formatda olinib, BLAST orqali homologyasi tekshirildi. antiSMASH 8.0.4 platformasi yordamida NRPS tizimiga tegishli genlar aniqlanib, ularning joylashuvi, tarkibi va funksional guruhlar tahlil qilindi. Har bir genning ochiq o'qish freymlari (ORF), domen tuzilishi va surfaktin biosintezidagi roli baholandi. Heterolog ekspressiya tizimi sifatida *E. coli* K12 tanlandi va pET-28a ekspressiya vektori orqali genetik konstruktsiya in silico modellashirildi. Kodon optimallashtirish JCat dasturi yordamida amalga oshirilib, *E. coli* translatsiya tizimiga moslik oshirildi. Natijalar *srfA* gen kompleksining barcha komponentlari *E. coli* tizimida yuqori samaradorlik bilan ekspressiya qilinish imkoniyatini in silico darajada asoslab berdi.

Tahlillar shuni ko'rsatdiki, *srfAA*, *srfAB*, *srfAC* va *srfAD* genlari surfaktin biosintezida markaziy rol o'ynaydi, ularning modul tuzilishi esa lipopeptid molekulasi strukturaviy va funksional xilma-xilligini belgilaydi. CAI (Codon Adaptation Index)



Date: 27th March-2026



qiymatlari 0.97–0.98 oralig‘ida bo‘lib, bu yuqori translatsiya samaradorligini bildiradi. GC tarkibi esa *E. coli* genomiga mos bo‘lib, mRNK barqarorligini ta‘minlaydi. Shu bilan birga, in silico modellashtirish orqali genetik konstruksiya yaratish, restriksiya fermentlari saytlarini tanlash va vektorga to‘g‘ri joylashtirish strategiyasi ishlab chiqildi, bu esa kelgusida laboratoriya sharoitida biologik faol lipopeptidlarni ishlab chiqarish uchun ilmiy asos bo‘lib xizmat qiladi.

Umuman olganda, tadqiqot natijalari *Bacillus subtilis* dan *Escherichia coli* ga lipopeptid hosil qiluvchi genlarni muvaffaqiyatli ko‘chirish va yuqori samaradorlik bilan ifodalash imkoniyatlarini in silico darajada tasdiqlaydi. Shu orqali rekombinant mikroorganizmlar yordamida biologik faol moddalarni ishlab chiqarish texnologiyalari rivojlanishiga hissa qo‘shadi.

FOYDALANILGAN ADABIYOTLAR RO‘YXATI:

1. Süßmuth R. D., Mainz A. Nonribosomal peptide synthesis—principles and prospects // *Angewandte Chemie International Edition*. – 2017. – Vol. 56, № 14. – P. 3770–3821.
2. Caulier S., Nannan C., Gillis A. et al. Overview of the antimicrobial compounds produced by members of the *Bacillus subtilis* group // *Frontiers in Microbiology*. – 2019. – Vol. 10. – P. 302.
3. Théatre A., Cano-Prieto C., Bartolini M. et al. The surfactin-like lipopeptides from *Bacillus* spp.: biosynthesis, structure, and applications // *International Journal of Molecular Sciences*. – 2021. – Vol. 22, № 6. – P. 2973.
4. Blin K., Shaw S., Kloosterman A. M. et al. antiSMASH 6.0: improving cluster detection and comparison capabilities // *Nucleic Acids Research*. – 2021. – Vol. 49, № W1. – P. W29–W35.
5. Grote A., Hiller K., Scheer M. et al. JCat: a novel tool to adapt codon usage of a target gene to its potential expression host // *Nucleic Acids Research*. – 2005. – Vol. 33. – P. W526–W531