

Rahimova Nargiza Maqsudjon qizi
Genetika va O'simliklar ekperimental biologiyasi instituti tayanch-doktoranti
email: nargizarakhimova1998@gmail.com

Kubeisinova Perizat Allambergan qiz
O'zbekiston Milliy Universiteti magistranti
email: kubeisinovaperizat@genetika.uz

Ernazarova Dilrabo Qo'shboqovna
Genetika va O'simliklar ekperimental biologiyasi instituti katta ilmiy xodimi
email: edilrabo64@gmail.com

Kushanov Faxriddin Ne'matullayevich
Genetika va O'simliklar ekperimental biologiyasi instituti professori
email: fakhridinkushanov@gmail.com

MALINA (*RUBUS IDAEUS*) O'SIMLIGINING SHO'R STRESSIGA JAVOBGAR GENLARI EKSPRESSIYASI VA SELEKSION ISTIQBOLLARI

Annotatsiya. Ushbu maqolada malinada (*Rubus idaeus* L.) sho'r stressga javob beruvchi genlar va transkripsion faktorlarning roli bo'yicha mavjud adabiyotlar tahlil qilindi. Sho'r stress o'simliklarda ion muvozanatini buzadi, osmotik va oksidlovchi stressni kuchaytiradi hamda fotosintez jarayonini cheklaydi. Adabiyotlarni tahlili suni ko'rsatadiki, malinada sho'r stressga javob mexanizmlari yetarlicha o'rganilmagan. *Rubus* turkumida mavjud genom ma'lumotlari yangi izlanishlar olib borish imkonini beradi. RT-qPCR metodi esa stressda faollashadigan genlarning ekspressiyasini aniqlashda eng samarali vosita hisoblanadi. Maqolada sho'r stressga javob beruvchi genlarni o'rganish bo'yicha ilmiy bo'shliq aniqlanib, kelajakda tolerant malina navlarini yaratishda molekular yondashuvlardan foydalanish istiqbollari yoritilgan.

Kalit so'zlar: malina (*Rubus idaeus*), sho'r stress, transkripsion faktor (TF)lar, RT-qPCR, *NCED1*, *RoSnRK2*, gen ekspressiyasi

Рахимова Наргиза Максуджон кизи
Докторант (PhD) Института генетики и экспериментальной биологии растений
Кубейсинова Перизат Алламберган кизи

Магистрант Национального университета Узбекистана

Кушанов Фахриддин Нейматуллаевич

Профессор Института генетики и экспериментальной биологии растений

Эрназарова Дилрабо Кушбаковна

Старший научный сотрудник Института генетики и экспериментальной

биологии растений

Аннотация. В статье проведен обзор современных литературных данных о роли генов и транскрипционных факторов, участвующих в ответе малины (*Rubus idaeus* L.) на солевой стресс. Солевой стресс нарушает ионный баланс растений, усиливает осмотический и окислительный стресс, что приводит к снижению фотосинтеза и продуктивности. Анализ источников показал, что молекулярные механизмы устойчивости к солевому стрессу у малины остаются малоизученными. Однако наличие геномных и транскриптомных ресурсов рода *Rubus* (RNA-Seq, GenBank) открывает возможности для углубленных исследований. Особое внимание уделено семействам транскрипционных факторов DREB, NAC, MYB и WRKY, играющим ключевую роль в регуляции солеустойчивости. Метод RT-qPCR рассматривается как основной инструмент для анализа экспрессии соответствующих генов. Определены научные пробелы и обозначены перспективы применения молекулярных подходов при создании солеустойчивых сортов малины

Ключевые слова: малина (*Rubus idaeus*), солевой стресс, транскрипционные факторы, RT-qPCR, NCED1, RoSnRK2, экспрессия генов.

Kushanov Fakhriddin

Institute of Genetics and Experimental Plant Biology, professor

Ernazarova Dilrabo

Institute of Genetics and Experimental Plant Biology, senior scientist

Rahimova Nargiza

Institute of Genetics and Experimental Plant Biology, PhD Student

Kubeisinova Perizat

National University of Uzbekistan, Master's degree

Abstract. *This review summarizes the current knowledge on genes and transcription factors involved in the salinity stress response of raspberry (Rubus idaeus L.). Salinity stress disrupts ion homeostasis, induces osmotic and oxidative stress, and limits photosynthetic efficiency, leading to yield reduction. Literature analysis revealed that molecular mechanisms of salt tolerance in raspberry remain poorly explored. However, available genomic and transcriptomic resources within the Rubus genus (RNA-Seq datasets, GenBank sequences) provide a valuable basis for further molecular studies. The DREB, NAC, MYB, and WRKY transcription factor families play crucial roles as regulatory networks in plant salinity tolerance. RT-qPCR is highlighted as a precise and reliable method for analyzing stress-related gene expression. The paper identifies existing research gaps and emphasizes the prospects of applying molecular and biotechnological approaches to develop salt-tolerant raspberry cultivars in the future.*

Keywords: *raspberry (Rubus idaeus), salinity stress, transcription factors, RT-qPCR, NCED1, RoSnRK2, gene expression.*

Kirish

Global iqlim o'zgarishlari, xususan, yuqori harorat, qurg'oqchilik va atrof-muhitning ifloslanishi kabi omillar so'nggi o'n yillikda o'simliklar uchun jiddiy tahdidlarga olib keldi [4]. Ushbu abiotik stresslar o'simliklarning fiziologik, biokimyoviy va molekulyar jarayonlariga salbiy ta'sir ko'rsatib, natijada hosildorlikning keskin pasayishiga olib keladi [16]. Ayniqsa, sho'rlanish stressi global miqyosdagi eng dolzarb muammolardan biri hisoblanadi. 1980-2024 yillar oralig'ida tuproq sho'rlanishi global miqyosda 20% ga oshganligi aniqlanib, bugungi kunda taxminan 1,4 milrd ga yer maydoni sho'rlangan va yana 1 milrd ga yer sho'rlanish xavfi ostida ekanligi taxmin qilinmoqda. FAO ekspertlarining tahlillariga ko'ra, agar hozirgi tendensiya davom etsa, 2100-yilga kelib yer sharining chorak yoki uchdan bir qismi sho'rlanishi mumkin. Bu jarayon ekinlarning hosildorligiga salbiy ta'sir qilib, global oziq-ovqat xavfsizligini jiddiy xavf ostida qoldiradi [5].

Aholi sonining ortib borishi ekin ekiladigan yer maydonlarining qisqarib borayotganligini va ularning oziq-ovqatga bo'lgan ehtiyojlari ortib borayotganligini

hisobga olgan holda, tuproqlarning sho'rlanish muammosini hal qilish juda muhimdir. Hozirgi davrda tuproq sho'rlanishini kamaytirishda ikki asosiy yo'l mavjud: birinchisi kimyoviy moddalar yordamida tuproq shikastlanishini yaxshilash, ikkinchisi biotexnologiya yordamida tuzga chidamli o'simlik navlarni yaratish va yetishtirish. Bu ikki usulni solishtirsak birinchi usul qimmat va ikkilamchi sho'rlanishga olib kelishi mumkin [6]. Sho'r stressi o'simliklarda bir vaqtning o'zida ion toksikligi, osmotik balansning buzulishi, reaktiv kislorod turlari (ROS) ning ortishi va metabolik jarayonlarning izdan chiqishiga olib keladi. Natijada, fotosintez pasayadi, suv muvozanati buziladi, fermentlar faolligi cheklanadi va o'simlik bugungi kunda dolzarb ilmiy yo'nalish hisoblanadi [1, 2, 3]. Ushbu murakkab javob mexanizmlarini molekulyar darajada o'rganish bugungi kunda dolzarb ilmiy yo'nalish hisoblanadi.

Malina (*Rubus idaeus*) dunyo bo'yicha iqtisodiy jihatdan muhim rezavor ekinlardan biri bo'lib, yuqori ozuqaviy qiymati, boy antioksidant tarkibi va farmakologik xususiyatlari bilan ajralib turadi. O'zbekistonda ham malinani sanoat miqyosida yetishtirishga qiziqish ortib bormoqda. Ammo, malinada ham boshqa o'simliklar kabi abiotik stresslarga nisbatan yuqori sezuvchanlik mavjud. Ayniqsa sho'r stressga nisbatan yuqori sezgirliги tufayli hosildorlik keskin kamayishi kuzatiladi.

Shu nuqtai nazardan, malinada sho'r stressga chidamlilikni molekulyar darajada o'rganish, xususan, stressga javob beruvchi va stressda faollashadigan genlarning ekspressiya (faollanish) darajasini aniqlash dolzarb ilmiy va amaliy vazifa hisoblanadi. Hozirgi kunga qadar sho'r stressga javob beruvchi genlar va transkripsion faktorlar uzum (*Vitis vinifera*), qulupnay (*Fragaria vesca*), guruch (*Oryza sativa*) va boshqa model o'simliklarda keng o'rganilgan bo'lsada, aynan malinada bu boradagi tadqiqotlar juda cheklangan.

Ushbu tadqiqotning maqsadi — so'nggi yillardagi zamonaviy molekulyar-genetik tadqiqotlar asosidagi e'lon qilingan adabiyotlarni tahlil qilish orqali malina (*Rubus idaeus*) o'simligida sho'r stressiga javoban gen ekspressiyasi mexanizmlari

hamda asosiy stressga javob beruvchi transkripsion faktorlar (DREB, NAC, MYB, WRKY) ning biologik rolini kompleks tahlil qilish va umumlashtirishdan iborat.

Shuningdek, ushbu tahlil natijalarini boshqa muhim meva ekinlari va model o'simliklarda olingan ma'lumotlar bilan solishtirish orqali, malinaning sho'r stressiga chidamlilik genetik xaritasini (genetik mexanizmini) tushunishga xizmat qiluvchi fundamental molekulyar-genetik asos yaratiladi. Bu esa, kelgusida malinaning sho'rga chidamli navlarini yaratishga qaratilgan seleksion dasturlar va biotexnologik izlanishlar uchun ilmiy yo'nalish belgilashga xizmat qiladi.

Metodika

Ushbu maqola adabiyotlar tahlili shaklida tayyorlangan bo'lib, unda malinada sho'r stressga javob beruvchi genlar va transkripsion faktorlarni o'rganishga oid ilmiy adabiyotlar tizimli tahlil qilindi. Manbalar Scopus, Web of Science, PubMed, NCBI GenBank va Google Scholar bazalaridan tanlab olindi. Qidiruvda "Rubus idaeus", "salinity stress", "transcription factors", "gene expression", "RT-qPCR" kabi kalit so'zlardan foydalanildi. Adabiyotlarni tanlashda asosan so'nggi 10 yil ichida chop etilgan maqolalarga e'tibor qaratildi, biroq sho'r stress mexanizmlarini tushuntiruvchi asosiy klassik manbalar [10] ham tahlilga kiritildi. Bundan tashqari, malinaga oid genom va transkriptom resurslari NCBI GenBank va boshqa ochiq ma'lumotlar bazalaridan tahlil qilindi. Adabiyotlar tahlili davomida sho'r stressga javob beruvchi asosiy transkripsion faktor oilalari (DREB, NAC, MYB, WRKY), ularning gen ekspressiyasi hamda RT-qPCR va RNA-Seq metodlarining qo'llanishi haqida mavjud ma'lumotlar umumlashtirildi.

Natijalar va muhokama

So'nggi yillarda molekulyar biologiya va bioinformatika yutuqlari natijasida *Rubus* turkumiga oid genomik ma'lumotlar keng tahlil qilinib ma'lumotlar bazasi sezilarli darajada boyitilib bormoqda. Genbankda hozirda qizil malina (*Rubus idaeus* L.) va qora malina (*Rubus occidentalis*) uchun butun genom ketma-ketliklari mavjud bo'lib, bu ma'lumotlar *Rosaceae* oilasiga oid boshqa ekinlar (shaftoli, olma, qulupnay) bilan solishtirish imkonini beradi [11, 12]. Bu genom ketma-ketligi sho'r

stressga javob beruvchi genlarni aniqlash va molekulyar markerlar ishlab chiqishda muhim resurs hisoblanadi.

Malina genomida taxminan 270-300 mln nukleotid juftlari va 30 mingga yaqin gen mavjudligi qayd etilgan [11]. *Rubus* turkumida transkripsion faktorlarning ko'plab oilalari, xususan — AP2/ERF, NAC, MYB, WRKY kabilar keng ifodalangan. Bu genlar o'z navbatida sho'r stressga javob beruvchi genlarni molekulyar darajada izlash uchun yaxshi manba yaratadi.

Transkriptom tadqiqotlari ham malinada keng qo'llanilmoqda. RNK-Seq texnologiyasi yordamida mevaning rivojlanish bosqichlari, rang hosil bo'lishi, fenolik moddalar biosintezi va antioksidant faollik kabi jarayonlarga bog'liq bo'lgan ko'plab transkriptlar aniqlangan [8]. Bundan tashqari, NCBI GenBank va Rosaceae Genome Database kabi resurslarda malina bo'yicha ko'plab EST (expressed sequence tag) va cDNK kutubxonalari mavjud. Bu ma'lumotlar RT-qPCR tajribalari uchun primer dizayni va referens genlarni tanlashda yaxshi asos bo'lib xizmat qiladi [7].

Sho'r stress o'simliklarda bir nechta murakkab jarayonlarni qo'zg'atadi: ion disbalansi, osmotik bosimning ortishi va metabolizmning buzulishi kuzatiladi. Stress natijasida yuzlab genlar va signal bollar faollashadi. Bu jarayonda transkripsion faktorlar (TF) asosiy o'rin tutadi. TF-lar ma'lum gen promotorga bog'lanib, stressga javob beruvchi genlarning transkripsiyasini kuchaytiradi yoki susaytiradi.

Rubus turkumida abiotik stresslarga javob bo'yicha olib borilgan tadqiqotlar so'nggi yillarda ortib bormoqda. E'lon qilingan ishlarning aksariyati sovuqqa va qurg'oqchilikka nisbatan umumiy stress javoblariga aspslangan. Sho'r stress bo'yicha fiziologik tadqiqotlar doirasida *Autumn Bliss* navida NaCl ning o'sish va fiziologik jarayonlarga ta'siri o'rganilgan. Tadqiqotlar shuni ko'rsatadiki, yuqori tuz konsentratsiyasi barglarning xlorofill miqdorini kamaytirgan, fotosintez jadalligini pasaytirgan va Na hamda Cl ionlari barg va ildizlar hujayralarida ko'p to'plangan. Bu natijalar malinada sho'r stressga sezuvchanlik yuqori ekanligini tasdiqlaydi [9].

Malinada sho'r stress bilan bog'liq ba'zi genlar ham identifikatsiya qilingan. *Rubus idaeus*dan klonlangan *RiNCED1* geni *Arabidopsis thaliana*da ortiqcha

ifodalanganda (overexpression) o'simlikning sho'r va sovuqqa chidamliligini oshirgani kuzatilgan. Bu gen ABA biosintezida muhim bo'lib, ion balansi va antioksidant himoyani yaxshilaydi [15].

Rubus occidentalis (qora malina) da *SnRK2* transkripsion faktor oilasi genlari identifikatsiya qilingan va ularning qurg'oqchilik, sho'r hamda sovuqqa javobi RT-qPCR orqali o'rganilgan [14]. Natijalar yarim *RoSnRK2* genlari stress sharoitida ildiz va barglarda kuchli induksiya qilinganini ko'rsatgan. Bu genlar ham ABA signal yo'li orqali sho'r stressga javob reaksiyasini bildirishi aniqlangan. Gen ekspressiyalanishini ifodalash uchun ichki barqaror nazorat genlarini tanlash muhimdir. *Rubus* turkumida eng barqaror referens genlar sifatida olimlar *RuEF1A* va *Ru18S* ni aniqlashgan [13]. Bu esa malinada RT-qPCR asosidagi gen ekspressiyasi tadqiqotlarni yanada ishonchli qilish uchun zarur metodik asos yaratadi. Umuman olganda, malinada sho'r stress tadqiqotlari endi shakllanayotganini ko'rish mumkin. Hozircha faqat alohida gen (*NCED1*) va Tf oilalari (*SnRK2*) identifikatsiyalangan. Bu esa kelgusida transkriptom va RT-qPCR asosidagi tadqiqotlarni olib borish zarur ekanligini ko'rsatadi.

Xulosa

O'tkazilgan adabiyotlar tahlili shuni ko'rsatdiki, abiotik stresslarga, xususan, sho'r stressiga o'simliklarning javob mexanizmlari murakkab signal uzatish yo'llari orqali amalga oshiriladi, bunda stressga qarshi javob jarayonlarida turli genlar va transkripsion faktorlar (TF) oilalari muhim rol o'ynaydi. Biroq, tahlillar natijasida aniqlandiki, malina (*Rubus idaeus*) da sho'r stressiga javob beruvchi genlar va TFlar bo'yicha ma'lumotlar juda cheklangan bo'lib, molekulyar darajadagi ekspressiya tahlillari deyarli mavjud emas. Bu esa malina seleksiyasi uchun ushbu sohada fundamental bilimlar bo'shlig'ini ko'rsatadi.

Yuqorida keltirilgan ma'lumotlar asosida malinada sho'r stress tolerantligini oshirishga qaratilgan kelajakdagi ilmiy izlanishlarda genom transkriptom resurslaridan keng foydalanish; asosiy TF oilalarini chuqur o'rganish; referens genlar va metodik asoslarni mustahkamlash; fiziologik ko'rsatkichlar va molekulyar

ma'lumotlarni birgalikda tahlil qilish; seleksion istiqbollar kabi strategik yo'nalishlarga e'tibor qaratish lozim.

Xulosa qilib aytganda, kelgusida malinada sho'r stress tolerantligini chuqurroq molekulyar darajada o'rganish nafaqat fundamental ilmiy bilimlarni boyitadi, balki amaliy seleksiya uchun ham muhim ahamiyatga ega bo'ladi. Molekulyar markerlar, RT-qPCR asosidagi ekspressiya tahlillari va boshqa biotexnologik yondashuvlar yordamida respublikamizda sho'rlangan yerlar muammosi dolzarb bo'lgan mintaqalar sharoitida sho'rga chidamli yuqori hosildor malina navlarini yaratish uchun katta istiqbollar mavjud.

Foydalanilgan adabiyotlar

1. Acosta-Motos, J. R., Diaz-Vivancos, P., Álvarez, S., Fernández-García, N., Sánchez-Blanco, M. J., & Hernández, J. A. NaCl-induced physiological and biochemical adaptative mechanisms in the ornamental *Myrtus communis* L. plants. *Journal of plant physiology*, 183, 2015, 41–51. <https://doi.org/10.1016/j.jplph.2015.05.005>;
2. Acosta-Motos, J. R., Ortuño, M. F., Bernal-Vicente, A., Diaz-Vivancos, P., Sanchez-Blanco, M. J., & Hernandez, J. A. Plant Responses to Salt Stress: Adaptive Mechanisms. *Agronomy*, 7(1), 18. 2017. <https://doi.org/10.3390/agronomy7010018>;
3. Acosta-Motos, J. R., Diaz-Vivancos, P., Alvarez, S., Fernández-García, N., Sanchez-Blanco, M. J., & Hernández, J. A. Physiological and biochemical mechanisms of the ornamental *Eugenia myrtifolia* L. plants for coping with NaCl stress and recovery. *Planta*, 242(4), 2015829-846.
4. Apostolova E. L. Molecular Mechanisms of Plant Defense against Abiotic Stress. *International journal of molecular sciences*, 24(12), 2021, 0339.
5. FAO.(2021). *Global assessment of soil salinization*. Food and Agriculture Organization of the United Nations.
6. Hao, S., Wang, Y., Yan, Y., Liu, Y., Wang, J., & Chen, S. A Review on Plant Responses to Salt Stress and Their Mechanisms of Salt Resistance. *Horticulturae*, 7(6), 2021, 132. <https://doi.org/10.3390/horticulturae7060132>.

7. Jung, S., Lee, T., Cheng, C. H., et al. (2019). 15 years of GDR: New data and functionality in the Genome Database for Rosaceae. *Nucleic Acids Research*, 47(D1), D1137–D114.
8. Li, C., Schluttenhofer, C., & Yuan, L. (2019). RNA-seq analysis reveals candidate genes involved in fruit development and quality in raspberry. *BMC Genomics*, 20, 295.
9. Li, H., Wang, Y., & Sun, J. (2018). Effects of NaCl stress on red raspberry (*Rubus idaeus* ‘Autumn Bliss’). *Journal of Northwest A&F University (Nat. Sci. Ed.)*.
10. Munns, R., & Tester, M. (2008). Mechanisms of salinity tolerance. *Annual review of plant biology*, 59, 651–681. <https://doi.org/10.1146/annurev.arplant.59.032607.092911>.
11. VanBuren, R., Wai, C. M., Colle, M., Wang, J., Sullivan, S., Rubio, K., ... Edger, P. P. (2016). The genome of black raspberry (*Rubus occidentalis*). *Plant Journal*, 87(6), 535–547.
12. Wight, H. M., Fernandez-Fernandez, F., McCallum, S., et al. (2021). Draft genome assembly and annotation of red raspberry (*Rubus idaeus*). *G3: Genes, Genomes, Genetics*, 11(5), jkab074.
13. Wu, Y., Zhang, C., Yang, H., Lyu, L., Li, W., & Wu, W. (2021). Selection and Validation of Candidate Reference Genes for Gene Expression Analysis by RT-qPCR in *Rubus*. *International Journal of Molecular Sciences*, 22(19), 10533. <https://doi.org/10.3390/ijms221910533>.
14. Zhang, H., Liu, S., Chen, Y., et al. (2023). Comprehensive genomic analysis of SnRK in Rosaceae and expression analysis of RoSnRK2 in response to abiotic stress in black raspberry. *Frontiers in Genetics*, 14, 1185229.
15. Zhou, Q., Li, Y., & Zhang, X. (2020). Overexpression of RiNCED1 from raspberry enhances high salinity and cold tolerance in *Arabidopsis thaliana*. *Plant Physiology and Biochemistry*, 151, 556–566.
16. Zhu, J.K. (2016). Abiotic stress signaling and responses in plants. *Cell*, 167(2), 313–324. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2016.08.029>.

