NAMANGAN DAVLAT UNIVERSITETI
ILMIY AXBOROTNOMASI, [2026-6]
ISSN:2181-1458
ISSN:2181-0427

03.00.00-BIOLOGIYA
journal.namdu.uz
BIOLOGICAL

UDK: 577.21:575.113

KRIPTOXROM GENLARINING EKSPRESSIYALANISHIDA TRANSKRIPSION FAKTORLARNING AHAMIYATI

Juraqulov Durbekjon Saydulla o‘g‘li
O‘zR FA Genomika va bioinformatika markazi, tayanch doktorant
Usmanov Dilshod Erkinbaevich
O‘zR FA Genomika va bioinformatika markazi, biologiya bo‘yicha PhD Abdukarimov Sharofiddin Sayfidinovich
O‘zR FA Genomika va bioinformatika markazi, kichik ilmiy xodim O‘zbekiston Milliy Universiteti, o‘qituvchi
Xusanbayeva Shahnoza Rustamjon qizi
O‘zR FA Genomika va bioinformatika markazi, tayanch doktorant
Abdug‘afforov Azamat Tojiboy o‘g‘li
O‘zR FA Genomika va bioinformatika markazi, tayanch doktorant
Sharifjonov Abrorbek Abdujabbor o‘g‘li
O‘zR FA Genomika va bioinformatika markazi, tayanch doktorant O‘zbekiston Milliy Universiteti, o‘qituvchi
Ziyodov Odilbek Toshbolta o‘g‘li
O‘zR FA Genomika va bioinformatika markazi, stajyor-tadqiqotchi
Jovliyev Husan Shermat o‘g‘li
O‘zR FA Genomika va bioinformatika markazi, Labaranti Toshkent Davlat Agrar Universiteti talabasi
Buriev Zabardast Tojiboevich
b.f.d. prof. O‘zRFA Genomika va bioinformatika markazi.
e-mail: juraqulovdurbek@gmail.com

Annotatsiya. *Kriptoxromlar ko‘k yorug‘lik fotoreseptorlari sifatida fotomorfogenez, gullash va stress javoblarini boshqaradi. Tadqiqotda bHLH, bZIP, MYB, NAC, WRKY va MADS-box kabi TF oilalarining CRY signallari bilan o‘zaro ta’siri, yorug‘lik, gormon va abiotik stress signallarini integratsiya qilishi ko‘rsatib o‘tilgan. Ayniqsa g‘o‘zada (Gossypium hirsutum) CRY–TF regulyator tarmoqlari tolalar rivojlanishi, hosildorlik va stressga chidamlilikni belgilashda muhim rol o‘ynaydi. Shuningdek, CRY promotoridagi G-box, E-box kabi cis-elementlarga TFlarning bog‘lanishi molekulyar regulyatsiya murakkabligini ko‘rsatadi. Maqolada kriptoxrom (CRY) genlarining ekspressiyasida transkripsiya omillari (TF) ning ahamiyati yoritilgan.*

Kalit so‘zlar: *Kriptoxrom, Transkripsiya omillari, G‘o‘za, Fotomorfogenez, Stress javobi, Cis-elementlar, HY5, PIF, WRKY, NAC.*

ЗНАЧЕНИЕ ТРАНСКРИПЦИОННЫХ ФАКТОРОВ В ЭКСПРЕССИИ ГЕНОВ КРИПТОХРОМА

Аннотация. *Криптохромы функционируют как фоторецепторы синего света, контролирующие фотоморфогенез, цветение и реакции на стресс. Особое внимание уделено семействам TF (bHLH, bZIP, MYB, NAC, WRKY, MADS-box), которые взаимодействуют с сигнализацией CRY и интегрируют внешние факторы — свет, гормоны и абиотические стрессы. В хлопчатнике (Gossypium hirsutum) сети CRY–TF играют ключевую роль в развитии волокон, устойчивости к засухе и солёности, а также в урожайности. Рассматриваются цис-регуляторные мотивы (например, G-box, E-box) и их связывание TF, что подчёркивает молекулярную сложность взаимодействий CRY–TF в росте и адаптации растений. В статье рассматривается значение транскрипционных факторов (TF) в регуляции экспрессии криптохромных (CRY) генов у растений.*

Ключевые слова: *Криптохром, Транскрипционные факторы, Хлопчатник, Фотоморфогенез, Стресс-ответ, Цис-регуляторные элементы, HY5, PIF, WRKY, NAC.*

THE IMPORTANCE OF TRANSCRIPTION FACTORS IN THE EXPRESSION OF CRYPTOCHROME GENES

Abstract. *Cryptochromes act as blue-light photoreceptors that mediate photomorphogenesis, flowering, and stress responses. The study highlights how TF families such as bHLH, bZIP, MYB, NAC, WRKY, and MADS-box interact with CRY signaling pathways to integrate environmental cues like light, hormones, and abiotic stresses. Special emphasis is placed on cotton (Gossypium*

hirsutum), where CRY–TF regulatory networks influence fiber development, stress tolerance, and yield. The paper provides insights into cis-regulatory motifs (e.g., G-box, E-box) and their binding by TFs, underscoring the molecular complexity of CRY–TF interactions in plant growth and adaptation. This article explores the role of transcription factors (TFs) in regulating the expression of cryptochrome (CRY) genes in plants.

Keywords: *Cryptochrome, Transcription factors, Cotton, Photomorphogenesis, Stress response, Cis-regulatory elements, HY5, PIF, WRKY, NAC.*

Kirish

O‘simliklar hayoti davomida turli tashqi omillar: yorug‘lik, harorat, namlik, sho‘rlanish kabi abiotik ta’sirlar ostida o‘sadi va rivojlanadi. Ushbu omillarning tez-tez o‘zgarib turishi o‘simliklarda turlicha javob reaksiyalarini keltirib chiqaradi. Bunday javob reaksiyalarining qay tarzda borishi, hamda qanday qilib murakkab mexanizmlar o‘simliklarning abiotik va biotik stresslarga moslasha olishini ta’minlashi bugungi kungacha ko‘pchilik olimlar tomonidan o‘rganilgan [1-3].

Kuchli ko‘k yorug‘lik natijasida o‘simliklarda ularga javob reaksiyalari hosil bo‘ladi, bunda tashqi signalni qabul qiluvchi sifatida o‘simlik fotoretseptorining kriptoxromlar oqsillari qatnashadi. Ammo ular yorug‘lik signali ta’sirida qo‘zg‘alishi strukturasini o‘zgartirib signal yo‘lini boshlab berishi mumkin, lekin bevosita stressga javob beruchi genlarning ekspressiyasi yoki repressiyasini nazorat qila olmaydi. Bunday vazifalar transkripsiya omillari, *CRE* (*cis regulation elements*) hamda bir qancha regulyator oqsillari tomonidan amalga oshiriladi [1-3].

Transkripsion faktorlar (TF) DNKga bog‘lanadigan oqsillar guruhi bo‘lib, asosan gen ekspressiyasini tartibga solishda ishtirok etadi. Har bir TF o‘ziga xos domen arxitekturasi orqali ma’lum promotorlar atrofida uchraydigan cis-elementlar (4-10 nukleotid) ga ulanadi va shu genning ekspressiyasi yoki repressiyasini boshqaradi. O‘simliklarda TF lar rivojlanish, metabolizm, stressga javob va signal integratsiyasida muhim rol o‘ynaydi [4].

Kriptoxromlar - bakteriyalar, arxeyalar, o‘simliklar va zamburug‘larda keng tarqalgan fotoliaza turiga mansub flavoproteinlar hisoblanadi. Ularning funksional xususiyatlari dastlab model o‘simlik *Arabidopsis thaliana* da chuqur o‘rganilgan [19].

Fotoreseptor sifatida *CRY* lar ko‘k yorug‘likni sezadi va o‘simlikning o‘sishi, barglarning ochilishi, gul hosil bo‘lishi kabi jarayonlarni boshqaradi. Yorug‘lik sharoitiga qarab o‘simliklarning morfologik moslashuvini ta’minlaydi. Kriptoxromlarning asosiy izoformalari: *CRY1* va *CRY2* oqsil barqarorligi jihatidan sezilarli farqlarga ega. Masalan, *CRY2* juda fotolabil bo‘lib, yorug‘lik ta’sirida bir necha daqiqa yoki soatlar ichida tez parchalanadi, *CRY1* esa nisbatan barqaror bo‘lib, uzoq muddatli yorug‘lik ta’sirida ham sezilarli degradatsiyaga uchramaydi [5,6].

Sis-regulyator elementlar (CRE) o‘simlik genetikasi va biologiyasida juda muhim rol o‘ynaydi. Ular DNKdagi maxsus ketma-ketliklar bo‘lib, genlarning qachon, qayerda va qanday darajada ekspressiyalanishini boshqaradi [2].

O‘simliklarda TF oilalarining xilma-xilligi. O‘simlik hujayralarida gen ekspressiyasi transkripsiya faktorlari (TF) tomonidan boshqariladi, ular asosan DNKga bog‘lanadigan domenlar (DBDlar) va aktivlashtiruvchi domenlar (AD) dan hamda signalni sezuvchi domen (SSD) dan iborat (1-rasm). TF larning vazifasi genlarni tartibga solish, yoqish va o‘chirish bo‘lib, ular kerakli hujayralarda zarur vaqtda va to‘g‘ri miqdorda ekspressiyalanishini ta’minlaydi. TF guruhlari butun bir hujayraning hayoti davomida, uning bo‘linishi, o‘sishi va o‘limini muvozanatlashtirligan holatda boshqarish uchun ishlaydi [16].

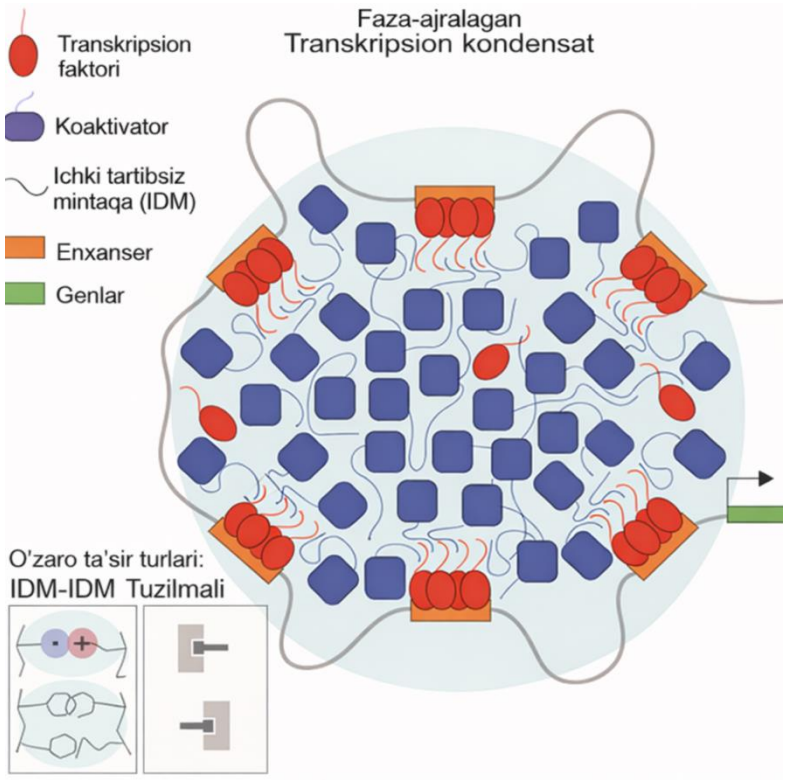


1-rasm. Transkripsiya faktorining aminokislota ketma-ketligining sxematik diagrammasi (amino terminal chapda, karboksil kislota terminali o‘ngda). (1) DNK bilan bog'lanadigan domen (DBD), (2) signalni sezuvchi domen (SSD) va faollashtirish domeni (TAD).

O‘simliklarda eng ko‘p uchraydigan transkripsiya faktor oilalari bHLH, bZIP, MYB, MADS-box, NAC, WRKY, AP2/ERF, ARF va LFY hisoblanadi. Ushbu oilalar fotomorfogenez, gormon signalizatsiyasi, ikkilamchi metabolitlar biosintezi, gullash va organogenez, stress javoblari hamda rivojlanish jarayonlarini tartibga solishda markaziy rol o‘ynaydi [7-15].

Transkripsiya faktorlar DNKning ma’lum promotorga bog‘lanib, genlarning yoqilishi yoki o‘chirilishini boshqaradi. Bu jarayon orqali hujayra tashqi va ichki signallarga moslashadi, gen ekspressiyasi dinamik tarzda tartiblanadi [7-8].

Ko‘plab TF oqsillari intrinsik tartibsiz sohalarga (IDR) ega bo‘lib, ular oqsil-oqsil o‘zaro ta’sirini kuchaytiradi va faza-ajralgan transkripsion kondensatlar hosil qilish orqali xromatin tuzilishini qayta tashkil etishda muhim rol o‘ynaydi (2-rasm). Bu xususiyat TFlarning moslashuvchanligini oshiradi va turli signal yo‘llarini integratsiya qilish imkonini beradi.



2-rasm. Faza-ajralgan transkripsion kondensat. (*Transcription factors activate genes through the phase separation capacity of their activation domains doi: 10.1016/j.cell.2018.10.042*)

O‘simlik TFlari ko‘pincha signalga bog‘liq regulyatorlar sifatida faoliyat yuritadi. Ular quyidagi guruhlarga bo‘linadi.

Yorug‘lik signallari – fotomorfogenezni boshqaruvchi HY5 (bZIP TF) va LFY oilalari.

Gormon signallari – NAC, ARF (*Auxin Response Factor*), kabi gormonlarga javob beruvchi TFlar.

Stress signallari – bHLH, bZIP oilalari biotik va abiotik stresslarga javobda muhim.

Shunday qilib, transkripsiya faktorlar o‘simliklarning rivojlanishi va tashqi muhitga moslashuvi uchun genetik regulyatsiyaning markaziy tugunlari hisoblanadi [9-10].

Kriptoxromlar (CRY) yorug‘lik fotoreseptorlari sifatida TFlar bilan bog‘liqligi. Kriptoxrom (CRY) genlari o‘simliklarda yorug‘lik signalizatsiyasining markaziy komponentlaridan biri bo‘lib, ularning faoliyati turli transkripsiya faktorlar (TF) bilan bog‘liq. Masalan, qorong‘ilikda *CRY1* geni inaktiv holatda bo‘ladi, *COP1–SPA* komplekslari faol bo‘lib, *HY5* fotomorfogenez TF larini ubiquitinatsiya qilib proteasoma orqali parchalaydi. Natijada fotomorfogenez genlari susayadi, o‘simlik etiolyatsiyalangan holda o‘sadi.

Ko‘k nur ta’sirida CRY1 konformatsiyasi o‘zgaradi va CCE domeni orqali SPA1 domeniga bog‘lanadi. Bu bog‘lanish COP1–SPA E3 ubiquitin ligaza kompleksini buzadi. COP1 ubiquitin ligaza faolligi pasayadi va HY5 hamda boshqa TFlar proteasomda saqlanib, hujayrada to‘planadi. Bu esa HY5 va boshqa TFlar barqaror holda ishlashini ta’minlaydi. Natijada, fotomorfogenez genlari faollashadi, ya’ni barg kengayib fotosintez yuzasi kattalashadi, xloroplast rivojlanib yorug‘lik energiyasi samarali o‘zlashtiriladi. Fotomorfogenez TFlarining (HY5, LAF1, HFR1) barqarorlashishi yorug‘lik javob genlarini faollashtiradi va gullash signallari (CRY2–CO–FT yo‘li) ni hosil qilib fotoperiodik gullashni tezlashtiradi. Buning natijasida etiolyatsiya, ya’ni poya cho‘zilishi to‘xtaydi va o‘simlik geterotrofik o‘sishdan fotoavtotrofik o‘sishga o‘tadi (3-rasm) [17].

PIF (bHLH oilasiga mansub) CRY genlari bilan bevosita bog‘lanib, fotomorfogenez va rivojlanish jarayonlarini tartibga soladi. HY5 odatda CRY orqali faollashib, yorug‘lik sharoitida gen ekspressiyasini kuchaytiradi, PIF esa qorong‘ilikda CRY bilan antagonistik o‘zaro ta’sirga kirishadi. Shu tarzda TFlar CRY genlarini faollashtiruvchi yoki repressiya qiluvchi regulyatorlar sifatida ishlaydi [7].

TFlarning CRY promotoriga bog‘lanishi va motivlar. CRY genlari promotor hududida turli cis-elementlar mavjud bo‘lib, TFlar shu elementlarga bog‘lanadi. Masalan, G-box, E-box va boshqa konservativ motivlar HY5, PIF va boshqa TFlar uchun bog‘lanish joyi hisoblanadi. Bu motivlar orqali CRY genlarining yorug‘lik va gormon signallariga javobi taminlanadi [7-8].

CRY–TF o‘zaro ta’sirining qishloq xo‘jaligi ekinlarida tutgan o‘rni. G‘o‘za (*Gossypium hirsutum* L.) dunyo miqyosida eng muhim qishloq xo‘jaligi ekinlaridan biri bo‘lib, uning rivojlanishi va hosildorligi ko‘plab genetik regulyatorlarga bog‘liq. PlantTFDB bazasida g‘o‘za genomida 5022 ta transkripsiya faktori (TF) bo‘lib, ular 58 ta oilaga mansub (1-jadval). Ushbu TFlar orasida MYB, bHLH, WRKY va NAC oilalari tolalar elongatsiyasi, hujayra devori biosintezi va ikkilamchi metabolitlar sintezida muhim ahamiyatga ega [20].

1-jadval.

Transkripsion faktorlar. Oila bo‘yicha ko‘rinishi

(PlantTFDB - Plant Transcription Factor Database @ CBI, PKU)

AP2 (59)	ARF (69)	ARR-B (37)	B3 (154)	BBR-BPC (15)
BES1 (24)	C2H2 (318)	C3H (143)	CAMTA (14)	CO-ga o'xshash (38)
CPP (23)	DBB (30)	Dof (118)	E2F/DP (19)	EIL (19)
ERF (444)	FAR1 (22)	G2-ga o‘xshash (128)	GATA (88)	GRAS (164)
GRF (32)	GeBP (15)	HB-PHD (8)	HB-other (27)	HD-ZIP (150)
HRTga o‘xshash (3)	HSF(82)	LBD (141)	LFY (2)	LSD (11)
M-type_MADS (96)	MIKC_MADS (96)	MYB (441)	MYB_related (151)	NAC (306)
NF-X1 (4)	NF-YA (30)	NF-YB (52)	NF-YC (30)	NZZ/SPL (2)
Nin-like (33)	RAV (17)	S1Fa-ga o‘xshash (7)	SAP (4)	SBP (62)
SRS (25)	STAT (2)	TALE (80)	TCP (73)	Trihelix (105)
VOZ (7)	WOX (41)	WRKY (238)	Whirly (4)	YABBY (23)
ZF-HD (45)	bHLH (427)	bZIP (224)		

Xulosa

Kriptoxrom genlarining ekspressiyalanishi o‘simliklarning yorug‘likka moslashuvi, fotomorfogenez va stress javoblarida markaziy ahamiyatga ega. Ushbu jarayon bevosita transkripsiya omillari (TF) tomonidan boshqariladi. HY5, PIF, WRKY, NAC, MYB va boshqa TF oilalari CRY genlari bilan o‘zaro ta’sirga kirishib, cis-elementlarga bog‘lanish orqali

Kriptoxrom (CRY) fotoretseptorlari yorug‘lik signallash mexanizmlarining muhim komponentlari bo‘lib, ular TFlarning faolligini modulyatsiya qiladi. Masalan, MADS-box va LFY TFlari gullash meristema hosil bo‘lishida ishtirok etadi, CRY signallari esa bu jarayonni tezlashtirishi mumkin [21]. Shuningdek, CRY–WRKY va CRY–NAC integratsiyasi paxtaning qurg‘oqchilik, sho‘rlanish va issiqlikka chidamliligini oshirishda muhim ahamiyatga ega [22].

CRY genlari va turli TF oilalari o‘rtasidagi murakkab regulyator tarmoq g‘o‘zada fotomorfogenez, rivojlanish va stressga moslashuv jarayonlarini integratsiya qiladi. Bu g‘o‘zaning hosildorligi, tolalar sifati va ekologik stresslarga bardoshliligini belgilovchi asosiy molekulyar omillardan biri hisoblanadi.

genlarning faollashuvi yoki repressiyasini ta'minlaydi. Bu mexanizm o'simliklarning yorug'lik va gormon signallarini integratsiya qilishiga, shuningdek, abiotik stresslarga bardoshliligini oshirishga xizmat qiladi.

G'o'za (*Gossypium hirsutum*) misolida CRY–TF regulyator tarmoqlari tolalar elongatsiyasi, hujayra devori biosintezi, gullash va hosildorlikni belgilovchi muhim molekulyar omillar sifatida namoyon bo'ladi. CRY signallari MADS-box, LFY, WRKY va NAC kabi TFlar bilan integratsiyalanib, paxtaning rivojlanishi va ekologik stresslarga moslashuvini kuchaytiradi.

Shunday qilib, kriptoxrom va transkripsiya omillari o'rtasidagi murakkab regulyator mexanizmlar o'simliklarning o'sishi, rivojlanishi va hosildorligini nazorat qiluvchi asosiy omillardan biri hisoblanadi. Bu bilimlar paxtachilikda hosildorlikni oshirish, tolalar sifatini yaxshilash va stressga chidamli navlar yaratishda muhim ilmiy asos bo'lib xizmat qiladi.

Foydalanilgan adabiyotlar

1. Boija A, Klein IA, Sabari BR, Dall Agnese A, Coffey EL, Zamudio AV, et al. Transcription factors activate genes through the phase separation capacity of their activation domains. *Cell*. 2018;175(7):1842–1855.e16. doi:10.1016/j.cell.2018.10.042

2. Robert J Schmitz, Erich Grotewold, Maike Stam. Cis-regulatory sequences in plants: Their importance, discovery, and future challenges

3. The Plant Cell, Volume 34, Issue 2, February 2022, Pages 718–741, https://doi.org/10.1093/plcell/koab281

4. D.S.Juraqulov, D.E.Usmanov, Sh.S.Abdukarimov, B.M.Sobirov, Sh.R.Xusanbayeva, A.T.Abdugafforov, A.A.Azimov, A.A.Sharifjonov, Z.T.Buriev

5. Kriptoxrom genlarining o'simliklarning rivojlanishidagi ahamiyati. Qo'qon Davlat Pedagogika Instituti Ilmiy xabarlari (2025-yil 8-son).

6. Alejandra Freire-Rios, Keita Tanaka, Isidro Crespo. And Dolf Weijers. Architecture of DNA elements mediating ARF transcription factor binding and auxin-responsive gene expression in Arabidopsis. Proc Natl Acad Sci U S A. 2020 Sep 29;117(39):24557-24566. doi:10.1073/pnas.2009554117. PMID: 32929017.

7. C Lin, H Yang, H Guo, T Mockler, J Chen, AR Cashmore. Enhancement of blue light sensitivity of Arabidopsis seedlings by a blue light receptor cryptochrome 2. Science. 1998 Jan 23;279(5355):1360-1363. doi:10.1126/science.279.5355.1360. PMID: 9482948.

8. Xu Wang, Chentao Lin, The two action mechanisms of plant cryptochromes. Trends Plant Sci 2025 Jul;30(7):775-791. doi: 10.1016/j.tplants.2024.12.001. PMID: 39875298

9. Yasmina Radani,Rongxue Li, Harriet Mateko Korboe, Hongyu Ma, Liming Yang. Transcriptional and Post-Translational Regulation of Plant bHLH Transcription Factors during the Response to Environmental Stresses. *Plants* 2023,*12*(11), 2113; https://doi.org/10.3390/plants12112113

10. Zhonglong Guo, Raphael Dzinyela, Liming Yang and Delight Hwarari. bZIP Tr anscription Factors: Structure, Modification, Abiotic Stress Responses and Application in Plant Improvement. *Plants* 2024, *13*(15), 2058; https://doi.org/10.3390/plants13152058

11. Ziming Ma, Lanjuan Hu, Yu Zhong. Structure, evolution, and roles of MYB transcription factors proteins in secondary metabolite biosynthetic pathways and abiotic stresses responses in plants. Plant Sci., 31 July 2025 https://doi.org/10.3389/fpls.2025.1626844 PMID: 40822724

12. Zihao Zhang, Wenhui Zou, Peixia Lin, Zixun Wang, Ye Chen, Xiaodong Yang,Wanying Zhao, Yuanyuan Zhang, Dongjiao Wang, Youxiong Que and Qibin Wu. Evolution and Function of MADS-Box Transcription Factors in Plants. *Int. J. Mol. Sci.* 2024, *25*(24), 13278; https://doi.org/10.3390/ijms252413278 PMID: 39769043

13. Chenjia Zheng, Qin Yang, Xin Wang, Yu Chen, Ruoyu He, Xinmeng Li, Huanhuan Pan, Renying Zhuo, Tongbao Qu and Wenmin Qiu. Transcription Factors Involved in Plant Stress and Growth and Development: NAC. *Agronomy* 2025, *15*(4), 949; https://doi.org/10.3390/agronomy15040949

14. Muneer Ahmed Khoso, Amjad Hussain, Faujiah Nurhasanah Ritonga, Qurban Ali. WRKY transcription factors (TFs): Molecular switches to regulate drought, temperature, and salinity stresses in plants. Front. Plant Sci., 08 November 2022. https://doi.org/10.3389/fpls.2022.1039329

15. Zhouli Xie, Trevor M. Nolan, Hao Jiang, Yanhai Yin. AP2/ERF Transcription Factor Regulatory Networks in Hormone and Abiotic Stress Responses in *Arabidopsis*. Front. Plant Sci., 28 February 2019. https://doi.org/10.3389/fpls.2019.00228

16. Si-Bei Li, Zong-Zhou Xie, Chun-Gen Hu, Jin-Zhi Zhang. A Review of Auxin Response Factors (ARFs) in Plants. Front. Plant Sci., 03 February 2016. https://doi.org/10.3389/fpls.2016.00047

17. Nobutoshi Yamaguchi. LEAFY, a Pioneer Transcription Factor in Plants: A Mini-Review. Front Plant Sci, 2021 Jul 5:12:701406. doi: 10.3389/fpls.2021.701406. eCollection 2021.

18. M.Madan Babu, Nicholas M Luscombe, L Aravind, Mark Gerstein, Sarah A Teichmann.Structure and evolution of transcriptional regulatory networks. Curr Opin Struct Biol. 2004 Jun;14(3):283-91. doi: 10.1016/j.sbi.2004.05.004.

19. Christian Fankhauser, Roman Ulm. Light-regulated interactions with SPA proteins underlie cryptochrome-mediated gene expression. Genes Dev. 2011 May 15;25(10):1004-9. doi: 10.1101/gad.2053911.

20. Fang Bai and Jodi Scheffler. Genetic and Molecular Regulation of Cotton Fiber Initiation and Elongation. *Agronomy* 2024, *14*(6), 1208; https://doi.org/10.3390/agronomy14061208

21. Bobin Liu, Zhaohe Yang, Adam Gomez, Bin Liu, Chentao Lin, Yoshito Oka. Signaling mechanisms of plant cryptochromes in Arabidopsis thaliana. J Plant Res. 2016 Mar;129(2):137-48. doi: 10.1007/s10265-015-0782-z. Epub 2016 Jan 25.

22. Haron Salih, Wenfang Gong, Shoupu He, Gaofei Sun, Junling Sun, Xiongming Du. Genome-wide characterization and expression analysis of MYB transcription factors in *Gossypium hirsutum*. BMC Genet. 2016 Sep 9;17(1):129. doi: 10.1186/s12863-016-0436-8.

23. Rasmieh Hamid, Bahman Panahi, Feba Jacob

24. Identification of key pathways and associated transcription factor-miRNA-gene regulatory networks driving heterosis in cotton (Gossypium spp.)

25. Funct Plant Biol. 2025 May:52: FP25041. doi: 10.1071/FP25041.

26. Jun Ma, Fang Liu, Qinglian Wang, Kunbo Wang, Don C Jones, Baohong Zhang. Comprehensive analysis of TCP transcription factors and their expression during cotton (*Gossypium arboreum*) fiber early development. Scientific reports, 2016. Vol.-6. P.-1-10. doi: 10.1038/srep21535.