



## SHO‘RLANISHNING O‘SIMLIKLARGA TA’SIRI: MOLEKULYAR VA PROTEOMIK YONDASHUVLAR

<https://doi.org/10.70728/qdpi.v08.i01.004>

*Abdulkarimov Sh.S.<sup>1,2</sup>, Usmanov D.E.<sup>1</sup>, Azimov A.A.<sup>1</sup>,  
Raxmanov B.K.<sup>1</sup>, Ziyodov O.T.<sup>1</sup>, Buriev Z.T.<sup>1</sup>*

<sup>1</sup>O‘zR FA Genomika va bioinformatika markazi, Qibray, O‘zbekiston

<sup>2</sup>Mirzo Ulug‘bek nomidagi O‘zMU, Toshkent, O‘zbekiston

email: [sharofiddinabdulkarimov@gmail.com](mailto:sharofiddinabdulkarimov@gmail.com)

**Annotatsiya.** Yer yuzida iqlim o‘zgarishi natijasida, o‘simliklarga abiotik va biotik omillarning ta’siri kuchayib bormoqda. Bu esa, ularda hosildorlikning pasayishi, turli kasallik va zararkunandalarning miqdorini oshishiga olib kelmoqda. O‘simliklarga ta’sir qiluvchi abiotik omillardan biri tuproq sho‘rlanishi hisoblanadi.

Sho‘rlanish o‘simliklar uchun eng muhim abiotik stress omillaridan biri bo‘lib, u fiziologik jarayonlar, gen ekspressiyasi va oqsil darajasida chuqur o‘zgarishlarni keltirib chiqaradi. So‘nggi yillarda molekulyar-biologik va “omics” texnologiyalarining rivojlanishi sho‘rlanishga chidamlilik mexanizmlarini tizimli ravishda o‘rganish imkonini berdi. Ushbu maqolada sho‘rlanishning o‘simliklarga ta’siri, molekulyar va proteomik yondashuvlar tahlil qilinadi.

**Kalit so‘zlar:** sho‘rlanish, abiotik stress, gen ekspressiyasi, qRT-PCR, RNA-seq, proteomika, omiks

**Аннотация.** В результате глобальных климатических изменений влияние абиотических и биотических факторов на растения во всём мире неуклонно усиливается. Это, в свою очередь, приводит к снижению урожайности, а также к увеличению распространённости различных заболеваний и вредителей. Одним из важнейших абиотических факторов, оказывающих негативное воздействие на растения, является засоление почв.

Засоление является одним из ключевых абиотических стрессовых факторов для растений, вызывая глубокие изменения на физиологическом, генетическом и белковом уровнях. В последние годы развитие молекулярно-биологических и

«ОМИКС» технологий позволило систематически исследовать механизмы солеустойчивости растений. В данной статье анализируется влияние засоления на растения с использованием молекулярных и протеомных подходов.

**Ключевые слова:** засоление, абиотический стресс, экспрессия генов, qRT-PCR, RNA-seq, протеомика, омикс.

**Abstract.** As a result of global climate change, the impact of abiotic and biotic factors on plants is steadily increasing worldwide. This, in turn, leads to a decline in crop productivity and an increase in the incidence of various diseases and pests. Among the abiotic factors affecting plants, soil salinity is considered one of the most significant.

Salinity is one of the major abiotic stress factors for plants, causing profound changes at the physiological, gene expression, and protein levels. In recent years, advances in molecular biology and omics technologies have enabled a systematic investigation of the mechanisms underlying plant salinity tolerance. This article analyzes the effects of salinity on plants using molecular and proteomic approaches.

**Keywords:** salinity, abiotic stress, gene expression, qRT-PCR, RNA-seq, proteomics, omics.

**Kirish.** Global iqlim o‘zgarishi va noto‘g‘ri sug‘orish amaliyotlari natijasida tuproq sho‘rlanishi qishloq xo‘jaligi ekinlari uchun jiddiy muammoga aylanib bormoqda. Sho‘rlangan tuproqlarda o‘simliklar osmotik stress, ion toksikligi va oksidativ stressga duch keladi, bu esa ularning o‘sishi va hosildorligini keskin pasaytiradi. Tadqiqotlarga ko‘ra, sho‘rlanish natijasida o‘simlik hujayralarida  $\text{Na}^+$  va  $\text{Cl}^-$  ionlarining ortiqcha to‘planishi metabolik jarayonlarning izdan chiqishiga olib keladi [13].

Sho‘rlanishga chidamlilik murakkab, ko‘p genli xususiyat bo‘lib, ion tashilishi, signal uzatish, gormonal regulyatsiya va stressga javob beruvchi genlar tarmoqlarining muvofiqlashgan faoliyatiga bog‘liq.  $\text{Na}^+$  ionlarining ildizdan yer ustki qismlarga ko‘chishi va vakuolalarda saqlanishi o‘simlikning sho‘r stressiga moslashuvida muhim ahamiyat kasb etadi [16].  $\text{NaCl}$  ning o‘simliklarga zararli ta‘siri tuproqda natriy to‘planishi bilan mavjudligining kamayishiva natriy va xlor ionlarining o‘simliklarga toksik ta‘siri bilan bog‘liq [13, 16].

Sho‘rlanish o‘simlik to‘qimalariga ikki turdagi stressni keltirib chiqaradi:

1) tuproqdagi yuqori eruvchan moddalar konsentratsiyasi yuqoriligi sabab suv tanqisligi;

2) o‘simliklar uchun zararli bo‘lgan o‘zgargan  $\text{K}^+ / \text{Na}^+$  nisbatlari va  $\text{Na}^+$  va  $\text{Cl}^-$  ion konsentratsiyalari natijasida yuzaga keladigan ionga xos stresslar [3]

Tuproq sho‘rlanishi ekinlar unumdorligiga salbiy ta‘sir ko‘rsatadigan eng muhim global muammolardan biridir. Sho‘rlanish suv stressi, natriy ( $\text{Na}^+$ ) va xlorid ( $\text{Cl}^-$ ) kabi ionlarning haddan tashqari so‘rilishi natijasida kelib chiqadigan sitotoksiklik va ozuqaviy

muvozanatning buzilishi orqali o‘simliklarning o‘sishi va rivojlanishiga to‘sqinlik qiladi. Sho‘rlanish odatda reaktiv kislorod turlarining (ROS) paydo bo‘lishi tufayli oksidlovchi stress bilan birga keladi [8, 9,15].

O‘simliklarning tuz stressiga moslashtirishning turli usullari ishlab chiqilgan. Bularga ildiz uchlari va yosh barglarda hujayra kengayishining kamayishi, stomatal yopilish va  $\text{Na}^+$  bo‘linishi kabilarni olish mumkin. Bunda  $\text{Na}^+$  ning ildizlardan chiqarilishi NaCl ning barg o‘sishiga salbiy ta‘sirini yumshatadi. Bundan tashqari,  $\text{Na}^+$  ning hujayra ichidagi va hujayra ichidagi darajasida bo‘linishi sitoplazmada, ayniqsa bargdagi mezofil hujayralarida  $\text{Na}^+$  to‘planishining oldini oladi [7, 13].

Mutagen omilar tasirida olingan model o‘simlik *A.thaliananing* Kolumbiya ekotipi namuna urug‘lari NaCl ning 200 Mm eritmasidada tahlil qilindi va *pst1*(photoautotrophic salt tolerance1) liniyasi olindi. Olingan liniyalar nazorat namunalarga qaraganda 10 barobar chidamlilikni namoyon etdi [15].

Bundan tashqari, *Pisum sativum* ning ikkita: Lincoln va Puget navida NaCl stressida barg apoplastik antioksidant himoyasida qanday o‘zgarishlar sodir bo‘lishi o‘rganilgan. Natijada, barglarning apoplastik bo‘shlig‘ida faqat superoksid dismutaza mavjud bo‘lib, degidroaskorbat reduktaza (DHAR) ham uchrashi mumkin, askorbat peroksidaza (ASC peroksidaza), monodegidroaskorbat reduktaza (MDHAR) hamda glutation reduktaza (GR) mavjud emasligi aniqlandi [8].

Mannitolning hujayralarda to‘planishi abiotik stressni yumshatishi mumkin degan xuloslar ham mavjud. Ushbu xuloslar bug‘doyda mannitol biosintezi uchun javobgar *mtlD* genining ektopik ifodalanishi suv stressi va sho‘rlanishga chidamlilikni oshirishi bilan o‘z tasdig‘ini topgan. Bug‘doy *Triticum aestivum* L. cv Bobwhite) *Escherichia coli* ning *mtlD* geni bilan transformatsiya qilingan va o‘simliklar olingan. Sho‘rlanishga chidamlilikni baholashda *mtlD* geni kiritilgan (+*mtlD*) va kiritilmagan (–*mtlD*) kalluslar hamda T<sub>2</sub> avlod o‘simliklaridan foydalanilgan [1].

So‘nggi yillarda molekulyar texnologiyalar, jumladan qRT-PCR, RNA-seq va proteomika yondashuvlari sho‘rlanishga javob beruvchi genlar va oqsillarni aniqlash imkonini berdi.

**PCR asosida sho‘rlanishga javob beruvchi genlar tahlili.** qRT-PCR usuli sho‘rlanishga javoban muayyan genlarning ekspressiya darajasini aniqlashda keng qo‘llaniladi.

*A.thaliana* nihollari NaCl ning 150 mM eritmasi bilan 6, 24 va 48 soat davomida bilan ishlov berildi va ildizidagi 23 686 ta gen o‘rganildi. Natijada, bir nechta tashuvchi (transporter) guruhlari: *MATE*, *LeOPT1-like*, signal uzatuvchi molekulalar: *PERK* kinazalar, *MLO-like receptors*, uglevodlarga faol fermentlar *XTH18*, transkripsion faktorlar *ZIM*, *WRKY*, *NAC* oilalari vakillari hamda *4CL-like*, *COMT-like*, *LOB-Class 1* kabilarning

rollari tushuntirib berildi. Ularning ekspressiyasi qRT-PCR usuli yordamida tasdiqlandi [10].

Bundan tashqari, Arabidopsisda *AGL16* ning funksiyasini baholash va tuproqda o‘stirilgan o‘simliklarda tuzga chidamlilik tahlili o‘tkazilgan. *AGL16* genining to‘qimalar bo‘yicha ekspressiyasini o‘rganish uchun *AGL16pro-GUS* transgen o‘simliklari olingan. *AGL16* genining Arabidopsisda tuzga chidamliligini boshqarilishini aniqlash maqsadida, yovvoyi, *agl16-1* va OX (overexpression) liniyalarida tuz stressiga javoban tuz stressi bilan bog‘liq genlarning ekspressiyasi qRT-PCR yordamida aniqlandi. Bunda, *RD29A*, *RD29B*, *RAB18*, *RD22* va *CBF4* transkript darajalari Col-0 o‘simliklaridagiga nisbatan *agl16-1* mutantida sezilarli darajada yuqori, Ion gomeostazida ishtirok etadigan tuz bilan induksiyanadigan genlar bo‘lgan *SOS1*, *SOS2*, *NHX1* ning ekspressiya darajalari ham *agl16-1* mutantida o‘zgargan, ammo yovvoyi tipga nisbatan sezilarli darajada o‘zgarmagan [20].

*Brassica napus* ning ildiz namunalari 200 mM NaCl bilan 2 soat, 24 soat va 72 soat davomida ishlov berilgan. Ishlov berilgan va nazorat namunalari 11 ta nomzod differensial ekspressiyalanuvchi gen (*DEG*) qRT-PCR yordamida tahlil qilindi. Bu nomzod genlar qRT-PCR va RNA-sekvenslash tahlillari asosida aniqlangan ekspressiya darajalari o‘zaro mos keladi [17]

Tritikalening transkriptom tahlil qilingan 21 ta namunasidan umumiy RNK ajratildi va qRT-PCR amalga oshirildi. Tahlil uchun sho‘rlanishga javob beruvchi 14 ta differensial ekspressiyalanuvchi gen (*DEG*) lar tanlab olindi va RNA-sekvenslash ma’lumotlari bilan taqqoslandi. Natijalar o‘zaro bir-biriga mos keldi [5].

**Tuz stressiga proteomik va omiks yondashuvlar.** Proteomika hujayra, to‘qima yoki organizm tarkibidagi umumiy oqsillarni aniqlash uchun texnologiyalarni qo‘llashni o‘z ichiga oladi. Proteomik tadqiqotlar natijasida metabolik jarayonlar, gormonal o‘zaro ta’sir va o‘simliklarda sho‘rlanishga chidamlilikni yuzaga keltiruvchi signalizatsiya yo‘llarini tartibga soluvchi nomzod oqsillar aniqlangan [11, 12].

Omiks yondashuv genomika, transkriptomika, proteomika va metabolomika kabi turli xil yondashuvlarini birlashtirish asosida kelib chiqadi [2]. Bu yondashuv natijasida, sho‘rlanish stressi ostida fotosintez va gormonal o‘zgarishlarga ta’sir qiluvchi metabolik jarayonlarning moslashishi, tartibga solinishi va moslashuvida ishtirok etadigan genlar va oqsillarni aniqlash imkonini beradi [2, 11].

Guruch (*Oryza sativa*) ning nihollik va reproduktiv bosqichlari tuzga sezgir hisoblanadi [6, 11]. Guruchda 150 mM NaCl ta’sirida ildizlarida glutation-S-transferaza (*GST*), *HSP70* va mannoza bog‘lovchi guruch lektinini o‘z ichiga olgan 17 ta tuzga sezgir oqsil aniqlangan [4, 12]. Bundan tashqari, SYPRO Ruby bo‘yog‘idan foydalanib, 31 ta tuz stressiga sezgir oqsillar aniqlangan [4].

Bug‘doyda ham boshqa o‘simlikl kabi tuz stressi o‘simlik balandligi, ildiz uzunligi, nisbiy suv miqdori va xlorofil miqdorini pasaytirdi. Turlicha to‘plangan oqsillar asosan oksidlanish-qaytarilish, transmembran tashish, stressga javob, uglevod/karbon kislota metabolizmi va proteolizda ishtirok etadi. Integratsiyalashgan endoplazmatik retikulum proteom tahlili natijasida tuz stressiga javoban 233 ta ER-lokalizatsiyalangan differentsial to‘plangan oqsillarni aniqlandi [18]. Bundan tashqari, Miqdoriy proteomik tahlil natijasida tuz va osmotik stresslarga javob beradigan 194 va 169 ta xloroplastda joylashgan differentsial to‘plangan oqsillarni aniqlangan [19].

Tuz stressi bug‘doyda ko‘chat balandligini, ildiz uzunligini, nisbiy suv miqdorini va xlorofil miqdorini pasaytirdi. Turlicha to‘plangan oqsillar asosan oksidlanish-qaytarilish, transmembran tashish, stressga javob, uglevod/karbon kislota metabolizmi va proteolizda ishtirok etadi [18, 19]. Proteomik tadqiqotlar shuni ko‘rsatadiki, ba‘zi tuzga sezgir oqsillar faqat ildizlarda aniqlanadi [12]. Bug‘doyning ildizlarida 43 ta tuzga sezgir oqsil topilgan [14]. Bu oqsillar signalizatsiya, stress va himoya, membrana va transport, transkripsiya, oqsilini qayta ishlash va parchalanish, hujayra tuzilishi, uglevod va energiya va boshqa metabolizmlarda ishtirok etadi. Bundan tashqari, ayrim oqsillar, xususan, kofeoil-CoA<sub>2</sub>O<sub>3</sub>-metiltransferaza (*CCo<sub>2</sub>AOMT*), osmotin, SOD, S-adenosil-metionin sintaza, MAT kabilar ba‘zi o‘simliklarning ildizlarida aniqlangan, ammo tuz ta‘sirida barglarida aniqlanmagan [12].

**Xulosa.** Sho‘rlanish o‘simliklarning o‘sishi va rivojlanishiga ko‘p darajali salbiy ta‘sir ko‘rsatadi. PCR, RNA-seq va proteomika asosidagi tadqiqotlar sho‘r stressiga javob beruvchi asosiy genlar va oqsillarni aniqlash imkonini bermoqda. Ushbu bilimlar sho‘rga chidamli yangi biotexnologik navlarni olish va seleksiya dasturlarini takomillashtirish uchun muhim ilmiy asos bo‘lib xizmat qiladi.

## **FOYDALANILGAN ADABIYOTLAR**

1. Abebe, T., Guenzi, A. C., Martin, B., Cushman, J. C. Tolerance of mannitol-accumulating transgenic wheat to water stress and salinity. *Plant Physiology*, 2003, 131: 1748–1755.
2. Arif, Y., Singh, P., Siddiqui, H., Bajguz, A., Hayat, S. Salinity induced physiological and biochemical changes in plants: An omic approach towards salt stress tolerance. *Plant Physiology and Biochemistry*, 2020, 156: 64–77.
3. Blumwald, E. Sodium transport and salt tolerance in plants. *Current Opinion in Cell Biology*, 2000, 12: 431–434.
4. Chitteti, B. R., Peng, Z. Proteome and phosphoproteome differential expression under salinity stress in rice (*Oryza sativa*) roots. *Journal of Proteome Research*, 2007, 6: 1718–1727.

5. Deng, C., Zhang, Z., Yan, G., Wang, F., Zhao, L., Liu, N., Abudurezike, A., Li, Y., Wang, W., Shi, S. Salt-responsive transcriptome analysis of triticale reveals candidate genes involved in key metabolic pathways in response to salt stress. *Scientific Reports*, 2020, 10: 1–9.
6. Ganie, S. A., Molla, K. A., Henry, R. J., Bhat, K. V., Mondal, T. K. Advances in understanding salt tolerance in rice. *Theoretical and Applied Genetics*, 2019, 132: 851–870.
7. Gao, L., Liu, M., Wang, M., Shen, Q., Guo, S. Enhanced salt tolerance under nitrate nutrition is associated with apoplast Na<sup>+</sup> content in canola and rice plants. *Plant and Cell Physiology*, 2016, 57: 2323–2333.
8. Hernández, J. A., Ferrer, M. A., Jiménez, A., Ros Barceló, A., Sevilla, F. Antioxidant systems and O<sub>2</sub>•<sup>-</sup>/H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> production in the apoplast of pea leaves and their relation with salt-induced necrotic lesions. *Plant Physiology*, 2001, 127: 817–831.
9. Isayenkov, S. V., Maathuis, F. J. M. Plant salinity stress: Many unanswered questions remain. *Frontiers in Plant Science*, 2019, 10: 1–11.
10. Jiang, Y., Deyholos, M. K. Comprehensive transcriptional profiling of NaCl-stressed *Arabidopsis* roots reveals novel classes of responsive genes. *BMC Plant Biology*, 2006, 6: 1–20.
11. Kausar, R., Komatsu, S. Proteomic approaches to uncover salt stress response mechanisms in crops. *International Journal of Molecular Sciences*, 2023, 24: 1–21.
12. Mansour, M. M. F., Hassan, F. A. S. How salt stress-responsive proteins regulate plant adaptation to saline conditions. *Plant Molecular Biology*, 2022, 108: 175–224.
13. Munns, R., Tester, M. Mechanisms of salinity tolerance. *Annual Review of Plant Biology*, 2008, 59: 651–681.
14. Peng, Z., Wang, M., Li, F., Lv, H., Li, C., Xia, G. A proteomic study of the response to salinity and drought stress in an introgression strain of bread wheat. *Molecular & Cellular Proteomics*, 2009, 8: 2676–2686.
15. Tsugane, K., Kobayashi, K., Niwa, Y., Ohba, Y., Wada, K., Kobayashi, H. A recessive *Arabidopsis* mutant that grows photoautotrophically under salt stress shows enhanced active oxygen detoxification. *The Plant Cell*, 1999, 11: 1195–1206.
16. van Zelm, E., Zhang, Y., Testerink, C. Salt tolerance mechanisms of plants. *Annual Review of Plant Biology*, 2020, 71: 403–433.
17. Wang, W., Pang, J., Zhang, F., Sun, L., Yang, L., Fu, T., Guo, L., Siddique, K. H. M. Salt-responsive transcriptome analysis of canola roots reveals candidate genes involved in key metabolic pathways. *Scientific Reports*, 2022, 12: 1–16.
18. Zhang, J., Liu, D., Zhu, D., Liu, N., Yan, Y. Endoplasmic reticulum subproteome analysis reveals defense mechanisms of wheat seedling leaves under salt stress. *International Journal of Molecular Sciences*, 2021, 22: 1–16.

19. Zhu, D., Luo, F., Zou, R., Liu, J., Yan, Y. Integrated physiological and chloroplast proteome analysis of wheat seedling leaves under salt and osmotic stresses. *Journal of Proteomics*, 2021, 234: 1–14.

20. Zhao, P.-X., Zhang, J., Chen, S.-Y., Wu, J., Xia, J.-Q., Sun, L.-Q., Ma, S.-S., Xiang, C.-B. Arabidopsis MADS-box factor AGL16 is a negative regulator of plant response to salt stress. *New Phytologist*, 2021, 232: 2418–2439.