QO‘QON DAVLAT PEDAGOGIKA INSTITUTI ILMIY XABARLARI
(2026-yil 10-son)
TABIIY FANLAR
NATURAL SCIENCES
https://doi.org/10.70728/a.series.tab.v08.i10.158

TABIIY SHO‘RLANISH SHAROITIDA GLITSIRIZIN KISLOTA:INDOL MOY KISLOTA SUPRAMOLEKULYAR KOMPLEKSI VA MIKROBIOVAK TA’SIRIDA BUG‘DOY HAMDA G‘O‘ZADA ANTIOKSIDANT HIMOYA GENLARI EKSPRESSIYASI

Abdukarimov Abdulaziz Olim o‘g‘li
Guliston davlat universiteti,
“Agrobiotexnologiyalar va biokimyo” ilmiy-tadqiqot instituti, tayanch doktorant
aabdukarimov022@gmail.com
Azzamkulova Dilfuza Umarqul qizi
Guliston davlat universiteti,
“Agrobiotexnologiyalar va biokimyo” ilmiy-tadqiqot instituti, tayanch doktorant
Xujakulov Axtam Pardaboevich
Guliston davlat universiteti,
“Agrobiotexnologiyalar va biokimyo” ilmiy-tadqiqot instituti, katta ilmiy xodim, Biologiya fanlari nomzodi
Qo‘shiyev Habibjon Hojiboboyevich
Guliston davlat universiteti,
“Agrobiotexnologiyalar va biokimyo” ilmiy-tadqiqot instituti, direktor, Biologiya fanlari doktori., professor

Annotatsiya. Tadqiqotda Sirdaryo viloyatining tabiiy sho‘rlangan tuproqlarida (EC = 6,1–6,3 dS/m) bug‘doyning Vassa va g‘o‘zaning Ravnaq-1 navlarida 2GK supramolekulyar kompleksi hamda uning Mikrobiovak bilan kombinatsiyasining antioksidant himoya genlari ekspressiyasiga ta’siri o‘rganildi. Genlarning nisbiy ekspressiyasi RT-qPCR va $2^{-\Delta\Delta Ct}$ usuli asosida uchta biologik takrorda baholandi. Qo‘shma ishlov natijasida Vassa navida *TaSOD2*, *TaCAT1*, *TaAPX1* va *TaGR* genlari ekspressiyasi nazoratga nisbatan mos ravishda 3,60; 4,44; 2,35 va 3,12 martani, Ravnaq-1 navida esa *GhSOD* va *GhCAT* ekspressiyasi 4,20 va 3,44 martani tashkil etdi. Natijalar 2GK va Mikrobiovak kombinatsiyasi tabiiy sho‘rlanish sharoitida antioksidant himoya genlarining ekspressiyasini kuchaytirishi va bu javob genlarga qarab farqlanishini ko‘rsatdi.

Kalit so‘zlar: bug‘doy, g‘o‘za, sho‘rlanish, 2GK, Mikrobiovak, RT-qPCR, gen ekspressiyasi, antioksidant himoya.

Abstract. This study investigated the effects of the 2GK supramolecular complex and its combination with Mikrobiovak on the expression of antioxidant defense genes in Vassa wheat and Ravnaq-1 cotton grown under natural soil salinity conditions in the Syrdarya

region (EC = 6.1–6.3 dS/m). Relative gene expression was evaluated using RT-qPCR and the $2^{-\Delta\Delta Ct}$ method with three biological replicates. Under combined treatment, the relative expression levels of *TaSOD2*, *TaCAT1*, *TaAPX1*, and *TaGR* in Vassa wheat were 3.60-, 4.44-, 2.35-, and 3.12-fold, respectively, compared with the control. In Ravnaq-1 cotton, *GhSOD* and *GhCAT* expression levels were 4.20- and 3.44-fold, respectively. The results demonstrated that the combination of 2GK and Mikrobiovak enhanced the expression of antioxidant defense genes under natural salinity conditions, with gene-specific differences in molecular responses.

Keywords: wheat, cotton, salinity, 2GK, Mikrobiovak, RT-qPCR, gene expression, antioxidant defense.

Аннотация. В исследовании изучено влияние супрамолекулярного комплекса 2ГК и его комбинации с препаратом Микробиовак на экспрессию генов антиоксидантной защиты у пшеницы сорта Васса и хлопчатника сорта Равнак-1 в условиях естественного засоления почв Сырдарьинской области (EC 6,1–6,3 дСм/м). Относительную экспрессию генов оценивали методом RT-qPCR с использованием метода $2^{-\Delta\Delta Ct}$ в трёх биологических повторностях. При комбинированной обработке относительная экспрессия генов *TaSOD2*, *TaCAT1*, *TaAPX1* и *TaGR* у пшеницы сорта Васса составила соответственно 3,60; 4,44; 2,35 и 3,12 раза по сравнению с контролем. У хлопчатника сорта Равнак-1 экспрессия генов *GhSOD* и *GhCAT* составила соответственно 4,20 и 3,44 раза. Полученные результаты показали, что комбинация 2ГК и Микробиовака усиливает экспрессию генов антиоксидантной защиты в условиях естественного засоления, причём характер молекулярного ответа зависит от исследуемого гена.

Ключевые слова: пшеница, хлопчатник, засоление, 2ГК, Микробиовак, RT-qPCR, экспрессия генов, антиоксидантная защита.

KIRISH. Sho‘rlanish o‘simliklarda ion va osmotik muvozanatga ta’sir etib, stressga javob beruvchi molekulyar jarayonlarni o‘zgartiradi. Ushbu javob genlar ekspressiyasining qayta tashkil etilishi, himoya metabolizmi va o‘sish jarayonlarining o‘zaro muvofiqlashuvi bilan bog‘liq [1]. Shu sababli fiziologik faol preparatlarning ta’sirini faqat o‘sish ko‘rsatkichlari bilan emas, balki himoya tizimiga mansub genlarning nisbiy ekspressiyasi orqali ham baholash muhim.

Antioksidant himoyaning asosiy bo‘g‘inlariga superoksiddismutaza, katalaza, peroksidaza va askorbat peroksidaza kiradi. Ularni kodlovchi genlar ekspressiyasidagi o‘zgarishlar reaktiv kislorod turlari metabolizmiga aloqador transkripsion javobni tavsiflaydi. Bunda mRNK miqdori, ferment miqdori va fermentativ faollik bir xil ko‘rsatkich emas: ular biologik boshqaruvning turli darajalarini aks ettiradi [2].

Glitsirrizin kislotasining kovalent bo‘lmagan komplekslar hosil qilish xususiyati biologik faol molekulalarni tabiiy tashuvchi bilan birlashtirish imkonini beradi [3]. Mazkur xususiyat glitsirrizin kislotasi va auksinlar asosidagi komplekslarning o‘simlikdagi ta’sirini molekulyar darajada o‘rganishga asos bo‘ladi. Mikrobiologik preparatlar esa o‘simlik bilan

o‘zaro munosabatda oziqlanish, fitogormonal javob va stressga moslashuv jarayonlariga ta’sir ko‘rsatishi mumkin [4].

Bioo‘g‘itlarning bug‘doy fiziologiyasi va stressga javob genlariga ta’siri Al Khallaf va hammualliflar tadqiqotida yoritilgan [5]. Biroq boshqa mikroorganizmlar tarkibi, genotip va stress sharoitida olingan natijalar 2GK:IMK hamda Mikrobiovak kombinatsiyasining samarasi bilan aynan tenglashtirilmaydi. Mazkur ishning maqsadi tabiiy sho‘rlangan tuproq sharoitida 2GK:IMK kompleksi va uning Mikrobiovak bilan kombinatsiyasi ta’sirida Vassa bug‘doy hamda Ravnaq-1 g‘o‘za navlarining antioksidant himoya genlari nisbiy ekspressiyasini qiyosiy baholashdan iborat.

Tadqiqot ob’ekti va qo‘llanilgan metodlar

Tadqiqot ob’ektlari sifatida yumshoq bug‘doyning (*Triticum aestivum L.*) Vassa va o‘rta tolali g‘o‘zaning (*Gossypium hirsutum L.*) Ravnaq-1 navlari olindi. Molekulyar tahlillar Guliston davlat universitetining “Agrobiotexnologiyalar va biokimyo” ilmiy-tadqiqot institutida bajarildi. Tabiiy sho‘rlanishdagi tajribalar Sirdaryo viloyatining elektr o‘tkazuvchanligi 6.1-6.3 dS/m bo‘lgan tuproqlarida olib borildi. Bir xil sho‘rlanish sharoitida o‘stirilib, suv bilan ishlov berilgan o‘simliklar nazorat vazifasini bajardi.

Uchta variant qiyoslandi: suv bilan ishlov berilgan nazorat; 2GK:IMK (10^{-6} M); 2GK:IMK (10^{-6} M) + Mikrobiovak (50 ml/l). 2GK:IMK glitsirrizin kislotasi va indolil-3-moy kislotasining 2:1 molyar nisbatdagi supramolekulyar kompleksidir. Mikrobiovak tarkibiga *Bacillus licheniformis*, *Priestia megaterium*, *Bacillus halotolerans* va *Bacillus subtilis* kiradi. Urug‘larga ekishdan oldin ishlov berildi; kombinatsiyalangan variantda biopreparat ishlov berish eritmasiga qo‘shildi. Bug‘doy urug‘larini ivitish muddati 12 soat, g‘o‘za chigitlariniki 1 soat bo‘ldi. Molekulyar tahlil uchun yosh barglar olindi; bug‘doyda namuna olish 2-3-barg, ya’ni BBCH 12-13 fazasiga to‘g‘ri keldi.

Umumiy RNK issiq borat buferiga asoslangan Wu va hammualliflar usuli bilan ajratildi [6]. Tozalik A_{260}/A_{280} va A_{260}/A_{230} nisbatlari, yaxlitlik esa formaldegidli MOPS-agaroza gelidagi rRNK bantlari bo‘yicha baholandi. Namunalarga DNaza I bilan ishlov berildi. 1 μg RNK asosida HiScript III 1st Strand cDNA Synthesis Kit (+gDNA wiper, Vazyme) yordamida cDNK sintezlandi.

Tadqiqot ishida foydalanilgan antioksidant himoya bilan bog‘liq genlar praymerlari 1-jadvalda keltirilgan.

1-jadval.

Nisbiy gen ekspressiyasini tahlil qilishda foydalanilgan praymerlar

Gen	Praymerlar (F / R), 5′–3′	Bog‘liq belgi	Manba
TaSOD2	CGCAGGACAACCAATGGACC / CGGAGGCACACTAGGCATCC	Antioksidant himoya	[5, 2-3-b.]
TaCAT1	GGCCGCGCCGGAAACTGC / CGGGAACGAGAGGGCGAGAAAGA	Antioksidant himoya	[5, 2-3-b.]
TaPOD-D1	AGCACACAAGGAGAGAGGAG / AAGAGGCACGCGGTAGTCG	Antioksidant himoya	[5, 2-3-b.]
APX1	AAAGCGAAGCATCCAAAG / CAGAGGGTCACGAGTCCA	Antioksidant himoya	[7, 4-5-b.]
GPX1	GGAAAGTCCTGCTTATTGT / CTTCTCATCGCTATCTGGT	Antioksidant himoya	[7, 4-5-b.]

Gen	Praymerlar (F / R), 5′–3′	Bog‘liq belgi	Manba
GRC1	ATGAATACTCCCGTACATCAGT / TTTGTTACATCACCCACAGC	Antioksidant himoya	[7, 4-5-b.]
TaActin	TATGCCAGCGGTCGAACAAC / GGAACAGCACCTCAGGGCAC	Referens gen	[8, 3-4-b.]
GhSOD	CCACTTAGCGGAGAGCA / GCACCTTCATTTCCCTGTC	Antioksidant himoya	[9, 3-4-b.]
GhCAT	CAGCCATGCCACTCAGGATCTC / TGCAAGCTGTTCATTTTCGGCG	Antioksidant himoya	[9, 3-4-b.]
GhPOD	TTCAATTCGGATTTTGTGGC / TGCAGAAATTAGTTCACCCT	Antioksidant himoya	[9, 3-4-b.]
GhAPX	CTGATGAGGATGCTTTCTTTGC / AACCTAAAACGTCTGTGTAGGATTG	Antioksidant himoya	[9, 3-4-b.]
GhUBQ7	AGAGGTCGAGTCTTCGGACA / GCTTGATCTTCTTGGGCTTG	Referens gen	[9, 3-4-b.]

RT-qPCR DTlite 4 (DNA-Technology) amplifikatorida New 2×SYBR Green PCR Mastermix (Acmec) bilan o‘tkazildi. Reaksiya hajmi 20 µl bo‘lib, 10 µl master-miks, har bir praymerdan 0.5 µl (10 µM), 1 µl cDNK va 8 µl nukleazasiz suvdan iborat bo‘ldi. Boshlang‘ich denaturatsiya 94 ºC da 2 daqiqa; keyingi 40 sikl 94 ºC da 15 soniya, 60 ºC da 30 soniya va 72 ºC da 30 soniyadan tashkil topdi.

Nisbiy ekspressiya Livak va Schmittgen usulida hisoblandi [10]. Avval nishon va referens gen Ct qiymatlari farqi, so‘ng ishlov berilgan namuna va tegishli nazoratning farqi aniqlandi:

ΔCt = Ct(nishon gen) - Ct(referens gen);

$\Delta\Delta Ct$ = ΔCt(ishlov berilgan namuna) - ΔCt(nazorat);

Nisbiy ekspressiya = $2^{-\Delta\Delta Ct}$; nazorat uchun nisbiy ekspressiya = 1.00.

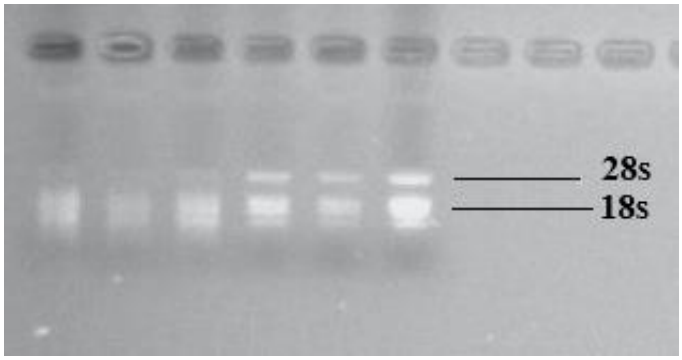
Har bir variant uchta biologik takrorda, har bir biologik namuna uchta texnik takrorda tahlil qilindi. Sifat nazoratida matritsasiz (NTC) va teskari transkriptazasiz (NRT) nazoratlar, standart suyultirishlar va erish egri chiziqlari qo‘llanildi [11]. *TaActin* barqarorligi ikkinchi referens gen *TaUBQ* bilan geNorm yondashuvida tekshirildi [12].

Natijalar o‘rtacha nisbiy ekspressiya ko‘rsatkichlari asosida tavsifiy taqqoslandi. Qo‘shma variantning 2GK:IMK alohida qo‘llanilgan variantga nisbati R = nisbiy ekspressiya (qo‘shma)/nisbiy ekspressiya(2GK:IMK) orqali hisoblandi.

Olingan natijalar va ularning tahlili

RNK sifati va RT-qPCR nazorati.

Ajratilgan umumiy RNK namunalari uchun A_{260}/A_{280} nisbati 1.92-2.04, A_{260}/A_{230} esa 2.0 dan yuqori bo‘ldi. Formaldegidli gelda rRNK bantlari aniq ajraldi (1-rasm).



1-rasm. Fiziologik faol birikmalar ta’sir ettirilgan bug‘doydan ajratilgan umumiy RNK namunalarining agaroza geldagi elektroforegrammasi

Izoh: 1,2 % li formaldegidli MOPS-agaroza gel.

RT-qPCR tahlilining sifati MIQE talablari bo‘yicha nazorat qilindi (2-jadval).

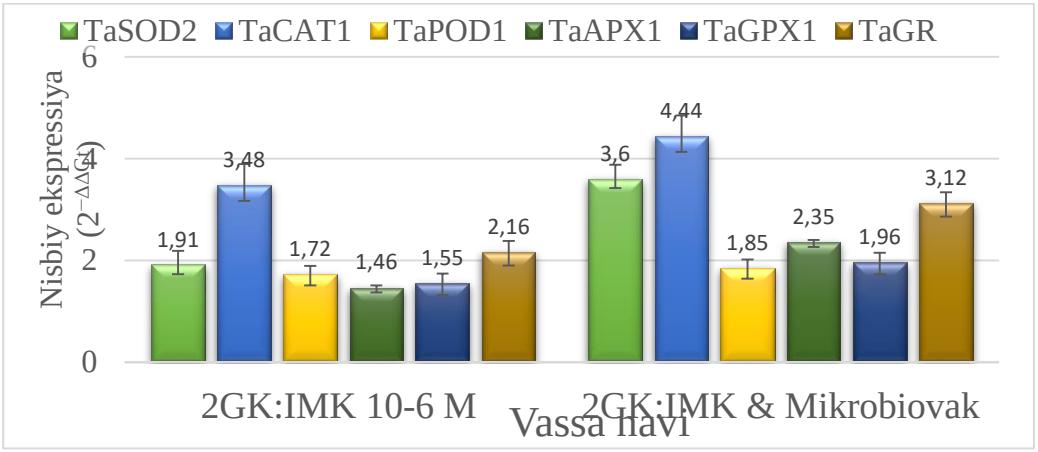
2-jadval

RT-qPCR tahlilining MIQE talablariga muvofiqligini tasdiqlovchi nazorat parametrlari

Parametr	Talab qilinadigan qiymat	Olingan qiymat
Amplifikatsiya samaradorligi (E)	90–110 %	94,2–103,8 %
Standart egri chiziq determinatsiya koeffitsienti (R^2)	> 0,99	0,991–0,998
Erish egri chizig‘idagi cho‘qqilar soni	1	1
Matritsasiz nazorat (NTC)	Ct aniqlanmasligi	Ct > 38 yoki aniqlanmagan
Teskari transkriptazasiz nazorat (NRT)	Ct farqi > 5 sikl	7,4–9,1 sikl
Referens gen barqarorligi (geNorm M)	< 0,5	0,21 (TaActin)
Biologik / texnik takrorlanishlar	≥ 3 / ≥ 3	3 / 3
Texnik takrorlanishlar orasidagi Ct farqi	< 0,5 sikl	0,12–0,38 sikl

Vassa bug‘doy navida antioksidant genlar javobi.

Tabiiy sho‘rlanish sharoitida 2GK:IMK bilan ishlov berilgan Vassa navida barcha olti antioksidant genning nisbiy ekspressiyasi tegishli suvli nazoratdan yuqori bo‘ldi. Kompleks alohida qo‘llanilganda eng yuqori qiymat *TaCAT1* da (3.48), undan keyin *TaGR* (2.16) va *TaSOD2* (1.91) da qayd etildi. Mikrobiovak qo‘shilgan variantda ham barcha genlar bo‘yicha kattaroq o‘rtacha qiymatlar kuzatildi (2-rasm).



2-rasm. Vassa navida antioksidant genlarning nisbiy ekspressiyasi

Izoh: nisbiy ekspressiya $2^{-\Delta\Delta Ct}$ usulida TaActin (bug‘doy) referens geniga nisbatan hisoblangan; nazorat = 1,00; n = 3 biologik × 3 texnik takrorlanish, natijalar M±m qiymatlar asosida hisoblandi, diagrammadagi vertikal chiziqlar standart xatolikni (m) bildiradi.

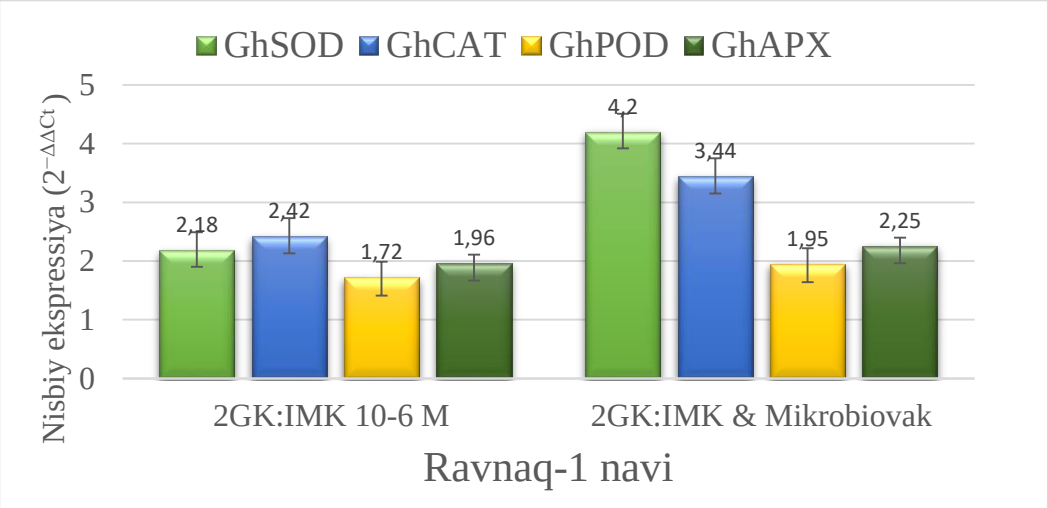
Qo‘shma variantda *TaCAT1* ekspressiyasi 4.44, *TaSOD2* 3.60 va *TaGR* 3.12 martani tashkil etdi. Kombinatsiyaning kompleksga nisbatan eng katta qo‘shimcha javobi *TaSOD2*

da kuzatildi: 1.91 dan 3.60 gacha o‘zgarish 1.88 baravar nisbatga yoki 88.5 % qo‘shimcha ortishga mos keldi. *TaAPX1* 1.46 dan 2.35 gacha, *TaGR* 2.16 dan 3.12 gacha o‘zgardi. *TaPOD1* da nisbat atigi 1.08 bo‘lib, boshqa nishonlardan pastroq edi. Demak, qo‘shma ishlov barcha genlarga bir xil amplitudada ta’sir ko‘rsatmagan.

TaSOD2, *TaCAT1* va *TaAPX1* javoblarining bir yo‘nalishda o‘zgarishi superoksid va vodorod peroksid metabolizmi bilan bog‘liq transkriptlar profilini tavsiflaydi. *TaGR* bo‘yicha qayd etilgan javob esa askorbat-glutation tizimiga aloqador molekulyar o‘zgarishlar bilan muhokama qilinishi mumkin [2, 7]. Biroq mazkur profilning o‘zi fermentlar o‘rtasidagi sababiy boshqaruv yoki metabolik oqimning oshishini isbotlamaydi.

Ravnaq-1 g‘o‘za navida antioksidant genlar javobi.

G‘o‘zada 2GK:IMK varianti uchun *GhSOD*, *GhCAT*, *GhPOD* va *GhAPX* genlari nisbiy ekspressiyasi mos ravishda 2.18, 2.42, 1.72 va 1.96 bo‘ldi. Qo‘shma ishlovda ushbu qiymatlar 4.20, 3.44, 1.95 va 2.25 ga yetdi (3-rasm). Bu natijalar g‘o‘zada ham o‘rganilgan genlarning javob amplitudasi bir xil bo‘lmaganini ko‘rsatadi.



3-rasm. Ravnaq-1 navida antioksidant genlarning nisbiy ekspressiyasi

Izoh: nisbiy ekspressiya $2^{-\Delta\Delta Ct}$ usulida GhUBQ7 (g‘o‘za) referens genlariga nisbatan hisoblangan; nazorat = 1,00; n = 3 biologik × 3 texnik takrorlanish, natijalar M±m qiymatlar asosida hisoblandi, diagrammadagi vertikal chiziqlar standart xatolikni (m) bildiradi.

Eng katta qo‘shimcha o‘zgarish *GhSOD* da kuzatilib, kombinatsiya/kompleks nisbati 1.93 ni, qo‘shimcha ortish 92.7 % ni tashkil etdi. *GhCAT* uchun bu ko‘rsatkichlar 1.42 va 42.1 % bo‘ldi. *GhPOD* va *GhAPX* da qo‘shimcha o‘zgarishlar mos ravishda 13.4 hamda 14.8 % bilan cheklandi. Shunday qilib, g‘o‘za navida qo‘shma ishlovga nisbatan eng katta amplitudali javob SOD va CAT genlarida namoyon bo‘ldi.

Muhokama

Olingan natijalar glitsirrizin kislotasi-auksin kompleksi va mikrobiologik preparatni birgalikda qo‘llashning antioksidant himoyaga aloqador genlar profiliga ta’sir etishini ko‘rsatadi. Shu bilan birga, barcha tajriba variantlari tabiiy sho‘rlangan sharoitda o‘stirilgani uchun bu taqqoslash sho‘rlanishning o‘z ta’sirini emas, ayni sho‘rlanish sharoitidagi ishlov berish javobini ifodalaydi.

Al Khallaf va hammualliflar [5] bioo‘g‘itlar bilan ishlov berilgan bug‘doyda fiziologik hamda gen ekspressiyasi javoblarini o‘rgangan. Mazkur ish bilan umumiy jihat - foydali

mikroorganizmlar ishtirokidagi ishlovning stressga javob genlari orqali baholanishidir. Lekin preparat tarkibi, tajriba muhiti va genotiplar turlicha bo‘lgani sababli natijalar faqat yo‘nalish jihatidan muhokama qilinadi. Lou va hammualliflar [7] ishida askorbat-glutation almashinuviga mansub genlar qurg‘oqchilik sharoitida baholangan; ularning natijalari bu yo‘lning antioksidant javobdagi o‘rnini yoritadi, ammo tabiiy sho‘rlanishdagi ayni qiymatlarni tasdiqlovchi mustaqil takror hisoblanmaydi. Samrana va hammualliflar [8] esa g‘o‘zaning xrom ta’siriga javobini o‘rgangan bo‘lib, ushbu manba mazkur ishda, avvalo, praymer panelining adabiy asosi sifatida qo‘llaniladi.

RT-qPCR mRNK ning nisbiy miqdorini baholaydi. Oqsil sintezi va parchalanishi, fermentlarning faollashuvi hamda hujayra redoks holati boshqa boshqaruv bosqichlariga ham bog‘liq [2]. Shuning uchun *TaCAT1* yoki *GhSOD* ekspressiyasining ko‘payishi ferment faolligi ayni nisbatda oshganini anglatmaydi. Shuningdek, SOD, CAT, POD va APX antioksidant fermentlarni kodlovchi genlar bo‘lib, ularning ekspressiyasi transkripsiya omillarining oqsil darajasidagi faolligi sifatida talqin qilinmaydi.

Molekulyar profilning asosiy ahamiyati ishlovga nisbatan javob amplitudasi kattaroq bo‘lgan nishonlarni ajratishdadir. Vassada *TaSOD2*, *TaCAT1*, *TaAPX1* va *TaGR*, Ravnaq-1 da esa *GhSOD* va *GhCAT* keyingi fiziologik-biokimyoviy tekshiruvlar bilan birgalikda baholash uchun muhim ko‘rsatkichlar bo‘ldi.

Xulosa.

Tadqiqot natijalari tabiiy sho‘rlanish sharoitida 2GK:Indol moy kislota supramolekulyar kompleksi va Mikrobiovak biopreparatini birgalikda qo‘llash bug‘doyning Vassa hamda g‘o‘zaning Ravnaq-1 navlarida antioksidant himoya genlari ekspressiyasini kuchaytirishini ko‘rsatdi. RT-qPCR tahlillariga ko‘ra, qo‘shma ishlov ta’sirida Vassa navida *TaCAT1* va *TaSOD2* genlari ekspressiyasi nazoratga nisbatan mos ravishda 4,44 va 3,60 marta, Ravnaq-1 navida esa *GhSOD* va *GhCAT* genlari ekspressiyasi 4,20 va 3,44 martani tashkil etdi. Eng yuqori qo‘shimcha molekulyar javob SOD genlarida kuzatildi. Olingan natijalar ushbu kombinatsiyaning sho‘rlanish sharoitida o‘simliklarning antioksidant himoyasi bilan bog‘liq molekulyar jarayonlarga ijobiy ta’sir ko‘rsatish imkoniyatini asoslaydi.

FOYDALANILGAN ADABIYOTLAR.

1. Zhu J.-K. Abiotic stress signaling and responses in plants // Cell. – 2016. – Vol. 167, No. 2. – P. 313-324. DOI: 10.1016/j.cell.2016.08.029.

2. Hasanuzzaman M., Bhuyan M.H.M.B., Zulfiqar F., Raza A., Mohsin S.M., Mahmud J.A., et al. Reactive oxygen species and antioxidant defense in plants under abiotic stress: revisiting the crucial role of a universal defense regulator // Antioxidants. – 2020. – Vol. 9, No. 8. – Art. 681. DOI: 10.3390/antiox9080681.

3. Selyutina O.Yu., Polyakov N.E. Glycyrrhizic acid as a multifunctional drug carrier – from physicochemical properties to biomedical applications: a modern insight on the ancient drug // International Journal of Pharmaceutics. – 2019. – Vol. 559. – P. 271-279. DOI: 10.1016/j.ijpharm.2019.01.047.

4. Backer R., Rokem J.S., Ilangumaran G., Lamont J., Praslickova D., Ricci E., et al. Plant growth-promoting rhizobacteria: context, mechanisms of action, and roadmap to commercialization of biostimulants for sustainable agriculture // Frontiers in Plant Science. – 2018. – Vol. 9. – Art. 1473. DOI: 10.3389/fpls.2018.01473.

5. Al Khallaf H., Rashad H. M., Alsamadany H.. Biofertilizers mitigate salinity stress: insights from spring wheat physiology and gene expression. Frontiers in Plant Science, 16, 1697160. https://doi.org/10.3389/fpls.2025.1697160

6. Wu Y., Llewellyn D.J., Dennis E.S. A quick and easy method for isolating good-quality RNA from cotton (Gossypium hirsutum L.) tissues // Plant Molecular Biology Reporter. – 2002. – Vol. 20. – P. 213–218. DOI: 10.1007/BF02782456

7. Lou L., Li X., Chen J., Li Y., Tang Y., Lv J. Photosynthetic and ascorbate-glutathione metabolism in the flag leaves as compared to spikes under drought stress of winter wheat (*Triticum aestivum L.*) // PLOS ONE. – 2018. – Vol. 13, No. 3. – Art. e0194625. DOI: 10.1371/journal.pone.0194625.

8. Wang H., Han X., Fu X., Sun X., Chen H., Wei X., Cui S., Liu Y., Guo W., Li X., Xing J., Zhang Y. Overexpression of TaLBD16-4D alters plant architecture and heading date in transgenic wheat // Frontiers in Plant Science. – 2022. – Vol. 13. – Art. 911993. DOI: 10.3389/fpls.2022.911993.

9. Samrana S., Ali A., Hussain S., Ali H., Muhammad U., Abass K.S. Physiological, anatomical, and molecular responses of glanded and glandless cotton to chromium exposure // Frontiers in Plant Science. – 2026. – Vol. 16. – Art. 1715493. DOI: 10.3389/fpls.2025.1715493.

10. Livak K.J., Schmittgen T.D. Analysis of relative gene expression data using real-time quantitative PCR and the $2^{-\Delta\Delta Ct}$ method // Methods. – 2001. – Vol. 25, No. 4. – P. 402-408. DOI: 10.1006/meth.2001.1262.

10. Bustin S.A., Benes V., Garson J.A., Hellemans J., Huggett J., Kubista M., et al. The MIQE guidelines: minimum information for publication of quantitative real-time PCR experiments // Clinical Chemistry. – 2009. – Vol. 55, No. 4. – P. 611-622. DOI: 10.1373/clinchem.2008.112797.

11. Vandesompele J., De Preter K., Pattyn F., Poppe B., Van Roy N., De Paepe A., et al. Accurate normalization of real-time quantitative RT-PCR data by geometric averaging of multiple internal control genes // Genome Biology. – 2002. – Vol. 3, No. 7. – Art. research0034. DOI: 10.1186/gb-2002-3-7-research0034.