

O'ZBEKISTON RESPUBLIKASI
OLIIY TA'LIM, FAN VA INNOVATSIYALAR VAZIRLIGI

FARG'ONA DAVLAT UNIVERSITETI

**FarDU.
ILMIY
XABARLAR**

1995-yildan nashr etiladi
Yilda 6 marta chiqadi

5-2025
TABIY FANLAR

**НАУЧНЫЙ
ВЕСТИК.
ФерГУ**

Издаётся с 1995 года
Выходит 6 раз в год

Sh.S.Abdukarimov, A.X.Makamov, Sh.U.Boboxujayev, M.F.Sanamyan, Z.T.Buriev O'simliklarda xromosomasi almashgan yoki xromosoma segmentlari almashgan liniyalarni olish va ularning ahamiyati	114
M.A.Jumanov, R.R.Raxmonov O'zbekistonda ovlashga ruxsat etilgan qushlarning sistematik tahlili va Buxoro viloyatida uchrashi haqida ma'lumotlar	120
A.A.Ahmadjonov, A.T.Turdaliyev, I.I.Musayev, Y.H.Muhammadov Sug'oriladigan tuproqlar va gilosda biomikroelementlar biogeokimyosi	127
A.N.Yusupov, M.S.Ayubov, X.A.Ubaydullayeva, B.O.Mamajonov, N.Sh.Obidov, A.A.Murodov, Z.H.Bashirxonov, S.A.Abdullaev, F.I.Babadjanova Integrativ RNA-seq tahlili asosida soya (<i>Glycine max</i>) va tok (<i>Vitis vinifera</i>) o'simliklarida abiotik stressiga chidamlilik bilan aloqador genlarni aniqlash	134
D.E.Usmanov, Sh.S.Abdukarimov, B.M.Sobirov, A.A.Azimov, A.T.Abdug'afforov, D.S.Juraqulov, Z.T.Buriev G'o'za (<i>G.hirsutum</i> L.) GHFHY3/FAR1 genlar oilasi vakillarini tavsiflash	143
D.E.Usmanov, Sh.S.Abdukarimov, B.M.Sobirov, A.A.Azimov, A.T.Abdug'afforov, D.S.Juraqulov, Z.T.Buriev G'o'za (<i>Gossypium spp</i>) turlari GHFHY3/FAR1 genlar oilasi vakillarini solishtirma bioinformatik tahillar yordamida aniqlash	153
A.A.Sharifjonov, D.E.Usmanov, Sh.S.Abdukarimov, B.M.Sobirov, A.T.Abdug'afforov, D.S.Juraqulov, Z.T.Buriev, Sh.R.Xusanbayeva A.A.Sharifjonov G'o'za (<i>G.hirsutum</i> L.) turi GHFHY3/FAR1 genlar oilasi vakillari Cis-element hududlarini o'rganish	158
S.D.Dadayev, D.A.Paluanliyazova Qoraqalpog'iston sharoitida qo'ylar gelmintlari faunasi va ularning sistematik holati	164
Sh.Q.Yuldasheva, M.I.Teshaboyeva Nok zararkunandalariga qarshi kimoviy kurashning ta'siri	170
Sh.Q.Yuldasheva, A.Q.Xamidov Farg'ona vodiysida temirchaklar (Tettigoniodea)ni tarqalishi va unga ta'sir etuvchi omillar	174
N.S.Abdunazarov, B.D.Mamarasulov <i>Streptomyces spectabilis</i> fermentatsiyasida muhit sharoitlarini ahamiyati	178
G'.Yuldashev, Q.S.Maxsudov Janubiy Farg'ona gipsli bo'z tuproqlarida namlik bosimining o'zgarishi	182
J.S.Sattarov, S.Q.Mahammadiyev, Sh.D.Quramboyeva Piskent tumanining sug'oriladigan tipik bo'z tuproqlarida granulometrik tarkibi xususiyatlari	188
Sh.Sh.Qosimova, B.D.Mamarasulov <i>Streptomyces</i> sp. izolyatining antibiotikka chidamli klinik shtammlarga nisbatan antimikrob faolligini baholash	194
Z.A.Yusupova Shohimardonsoy havzasi dorivor o'simliklari	199

QISHLOQ XO'JALIGI

D.E.Djo'rayeva, M.T.Isag'aliyev Dorivor godji (<i>Lycium barbarum</i> L.) ninsya navi urug'lari unuvchanligini baholash	206
T.T.Usmanov, N.I.Xalilova, A.A.Ibrahimg'aliyev, M.A.Mamasoliyeva Влияние кремниевых препаратов на всхожесть и биохимическую активность проростков хлопчатника сорта Бухара-8 в условиях изменения климата и засоления почвы	211
S.Q.Zakirova, Z.Z.Abdushukurova Ta'qirsimon tuproqlarning tuz rejimi va uni boshqarish	218
O.O.Mamatqulov, M.A.G'oziyev Turli ko'chat qalinligi va defoliant me'yorlarini o'rta tolali S-7303 g'o'za navi chigit sifatiga ta'sirini baholash	222



UO'K: 57.087

INTEGRATIV RNA-SEQ TAHLILI ASOSIDA SOYA (*GLYCINE MAX*) VA TOK (*VITIS VINIFERA*) O'SIMLIKLARIDA ABIOTIK STRESSIGA CHIDAMLILIK BILAN ALOQADOR GENLARNI ANIQLASH

ВЫЯВЛЕНИЕ ГЕНОВ, СВЯЗАННЫХ С УСТОЙЧИВОСТЬЮ К АБИОТИЧЕСКОМУ СТРЕССУ У РАСТЕНИЙ СОИ (*GLYCINE MAX*) И ВИНОГРАДА (*VITIS VINIFERA*) НА ОСНОВЕ ИНТЕГРАТИВНОГО АНАЛИЗА ДАННЫХ RNA-SEQ

"IDENTIFICATION OF DROUGHT-RESPONSIVE GENES IN SOYBEAN (*GLYCINE MAX*) AND GRAPEVINE (*VITIS VINIFERA*) VIA INTEGRATIVE RE-ANALYSIS OF MULTI-SOURCE RNA-SEQ DATA"

Yusupov Abdurahmonbek Nodirjon o'g'li¹ 

¹O'zbekiston Respublikasi fanlar akademiyasi, Genomika va bioinformatika markazi, katta ilmiy hodim

Ayubov Mirzakamol Sobitjonovich² 

²O'zbekiston Respublikasi fanlar akademiyasi, Genomika va bioinformatika markazi, katta ilmiy hodim (PhD)

Ubaydullayeva Xurshida Abdullayevna³ 

³O'zbekiston Respublikasi fanlar akademiyasi, Genomika va bioinformatika markazi, biologiya fanlari doktori

Mamajonov Bexzod Orifjon o'g'li⁴ 

⁴O'zbekiston Respublikasi fanlar akademiyasi, Genomika va bioinformatika markazi, kichik ilmiy hodim

Obidov Nurdinjon Shuxratjon o'g'li⁵ 

⁵O'zbekiston Respublikasi fanlar akademiyasi, Genomika va bioinformatika markazi, toyanch doktorant

Murodov Anvarjon Adxamjon o'g'li⁶ 

⁶O'zbekiston Respublikasi fanlar akademiyasi, Genomika va bioinformatika markazi, toyanch doktorant

Ziyodulloxon Hakimullo o'g'li Bashirxonov⁷ 

⁷O'zbekiston Respublikasi fanlar akademiyasi, Genomika va bioinformatika markazi, toyanch doktorant

Abdullaev Sadulla Abdullaevich⁸ 

⁸O'zbekiston Respublikasi fanlar akademiyasi, Genomika va bioinformatika markazi, kichik ilmiy hodim

Babadjanova Feruza Ikramovna⁹

⁹O'zbekiston Respublikasi fanlar akademiyasi, Genomika va bioinformatika markazi, kichik ilmiy hodim

Annotatsiya

Ushbu tadqiqotda *Glycine max* (soya) va *Vitis vinifera* (uzum) o'simliklarida sovuq, tuz hamda qurg'oqchilik kabi abiotik stresslarga javoban farqli ekspressiyalanuvchi genlarni aniqlash maqsadida bir qator ma'lumot bazalaridagi RNA-seq ma'lumotlari qayta tahlil qilindi. Integrativ bioinformatik yondashuv asosida NCBI ma'lumotlar bazalaridan olingan turli tajribalarga oid transkriptom ma'lumotlar (tok bo'yicha: PRJNA787359, PRJNA549981, PRJNA788159; soya bo'yicha: PRJNA852689, PRJNA933767, PRJNA813355) birlashtirildi va standartlashtirilgan pipeline yordamida tahlil qilindi.

Farqli ekspressiyalanuvchi gen (DEG), funksional annotatsiya (GO va KEGG) tahlillari orqali asosiy abiotik stresslar bilan aloqador genlar aniqlandi. Tadqiqot natijalariga ko'ra, har ikki o'simlikda qurg'oqchilikka va past haroratga javoban ekspressiyasi o'zgaradigan o'nlab yangi genlar topildi. Aniqlangan genlarning bir qismi ilgari bu stress turlari bilan bog'liqligi kuzatilmagan. Ushbu natijalar kelgusida marker genlar, genetik modifikatsiya uchun boshlang'ich material yoki seleksiya uchun muhim genomik resurslar sifatida xizmat qilishi mumkin.

Аннотация

В настоящем исследовании с целью выявления дифференциально экспрессирующихся генов в растениях *Glycine max* (соя) и *Vitis vinifera* (виноград) в ответ на такие абиотические стрессы, как холод, засоление и засуха, были повторно проанализированы данные RNA-seq из ряда баз данных. На основе интегративного биоинформатического подхода были объединены и стандартизированы транскриптомные данные различных экспериментов, полученные из базы данных NCBI (виноград: PRJNA787359, PRJNA549981, PRJNA788159, PRJNA763207; соя: PRJNA852689, PRJNA933767, PRJNA813355), которые затем были обработаны с использованием стандартного анализа.

В результате анализа дифференциальной экспрессии генов (DEG), а также функциональной аннотации (GO и KEGG) были выявлены ключевые гены, связанные с основными абиотическими стрессами. По итогам исследования в обоих видах растений обнаружены десятки новых генов, экспрессия которых изменяется в ответ на засуху и низкие температуры, часть из которых ранее не ассоциировалась с данными видами стрессов. Полученные результаты могут послужить ценным ресурсом для последующей идентификации маркерных генов, создания генетически модифицированных линий или селекции устойчивых сортов.

Abstract

In this study, RNA-seq data from multiple databases were re-analysed to identify differentially expressed genes in *Glycine max* (soybean) and *Vitis vinifera* (grapevine) in response to various abiotic stresses, including cold, salinity, and drought. Using an integrative bioinformatic approach, transcriptomic datasets related to various experiments were retrieved from the NCBI database (grapevine: PRJNA787359, PRJNA549981, PRJNA788159, PRJNA763207; soybean: PRJNA852689, PRJNA933767, PRJNA813355) and combined for analysis through a standardized pipeline.

Differential expression analysis (DEG) and functional annotation (GO and KEGG) revealed key genes associated with major abiotic stresses. According to the results, dozens of novel genes with altered expression in response to drought and low temperatures were identified in both species, some of which had not previously been linked to these stress types. These findings may serve as valuable genomic resources for future marker gene identification, the development of genetically modified lines, or breeding programs aimed at improving stress tolerance.

Kalit so'zlar: uzum, soya, RNA-seq, abiotik stress, qurg'oqchilik, sovuq, DEG, funksional annotatsiya, GO, KEGG

Ключевые слова: виноград, соя, РНК-секвенирование, абиотический стресс, засуха, холод, DEG, функциональная аннотация, GO, KEGG

Key words: grape, soybean, RNA-seq, abiotic stress, drought, cold, DEG, functional annotation, GO, KEGG

KIRISH

O'simliklar o'z hayoti davomida yuqori yoki past harorat, sho'rlanish, qurg'oqchilik, suv toshqini, ozuqa moddalarining etishmasligi hamda tuproqdagi og'ir metallarning toksikligi kabi ko'plab omillar ta'siriga uchraydi. Birgalikda abiotik stresslar deb ataladigan ushbu omillar o'simliklarning o'sish va rivojlanishiga salbiy ta'sir ko'rsatish orqali qishloq xo'jaligi va butun ekotizim uchun jiddiy xavf tug'diradi [1, 2]. So'nggi o'n yilliklarda inson faoliyati, issiqxona gazlari effekti, harorat va yog'ingar miqdoridagi o'zgarishlar tufayli global iqlim o'zgarishi ekotizimlarga bevosita ta'sir etib, qishloq xo'jaligi ishlab chiqarish modellarining tubdan o'zgarishiga sabab bo'lishi kutilmoqda. Ayniqsa, abiotik stresslarni atrof-muhitning o'zgaruvchanligi, tuproqlarning ifloslanishi va global iqlim o'zgarishi fonida qishloq xo'jaligi ekinlari hosildorligiga salbiy ta'siri tobora kuchayib bormoqda [3, 4, 5].

O'simlik dunyosi vakillari hayvonlardan farqli o'laroq, joydan-joyga harakatlana olmaydigan (sessil) organizmlar sifatida tavsiflanadi. Ularning ekologik stress omillariga (masalan, qurg'oqchilik, sho'rlanish, harorat o'zgarishlari, patogenlar) qarshi kurashish imkoniyati cheklangani sababli hara-

BIOLOGIYA

katsiz holda moslashishga majbur bo'lib, o'sish va rivojlanishni ta'minlash uchun yuqori darajada ixtisoslashgan fiziologik, biokimyoviy va molekulyar himoya mexanizmlarini rivojlantirgan. Xususan, o'simliklar stressga javoban himoya oqsillari (PR-proteinlar, HSPlar), antioksidant fermentlar (SOD, CAT, APX) va osmoprotektantlar (prolin, glycin betain) ishlab chiqaradi, shuningdek, stressga javob beruvchi genlar ekspressiyasini faollashtiradi. Shu bois, o'simliklarda stress signallarini qabul qilish, uzatish va noqulay sharoitlarga moslashish mexanizmlarini chuqur tushunish — ularning chidamlilik xususiyatlarini yaxshilash orqali global oziq-ovqat xavfsizligini ta'minlashda muhim ahamiyat kasb etadi [6, 7, 8].

ADABIYOTLAR TAHLILI VA METODOLOGIYA

Soya va tok — global iqtisodiyot uchun muhim qishloq xo'jaligi ekinlari hisoblanadi. So'nggi yillardagi iqlim o'zgarishi sharoitida abiotik stresslar bu ekinlarda hosilning yo'qolishiga olib kelib, global oziq-ovqat xavfsizligi va agrar-sanoat tarmog'ida jiddiy muammolarga sabab bo'lishi mumkin. Ilmiy dalillar shuni ko'rsatadiki, kelgusi o'n yilliklarda soya va tok etishtirishni cheklovchi asosiy omillardan biri aynan iqlim o'zgarishi bilan bog'liq abiotik stress bo'lib qoladi [3, 4, 9].

So'nggi o'n yillikda PubMed ma'lumotlar bazasida soya va uzumning o'sish, rivojlanishi hamda hosildorligiga abiotik stress omillari ta'siri tadqiq qilingan ilmiy ishlar soni qariyb 90 % ga oshgani iqlim o'zgarishining ushbu ekinlarga ta'sirini chuqur tadqiq etish dolzarbligini ko'rsatadi. Shu bilan birga, *G. max* va *V. vinifera* o'simliklari qurg'oqchilikka nisbatan o'rta yoki past darajadagi chidamlilikka ega bo'lib, ularning stressga molekulyar javob mexanizmlarini aniqlash va chuqur o'rganish sohada yangi echimlar ishlab chiqish uchun alohida ahamiyat kasb etadi.

Zamonaviy omiks yondashuvlari, xususan RNA-seq (RNA sequencing) texnologiyasi o'simliklarda gen ekspressiyasini to'liq transkriptom darajasida tahlil qilish imkonini beradi. Shu bilan birga, ochiq manbali ma'lumotlar bazalarida (GEO, SRA) mavjud bo'lgan ko'p sonli datasetlar asosida metatahlil olib borish va turli eksperiment natijalarini integratsiyalash imkoniyati yaratadi.

Ushbu tadqiqotning asosiy maqsadi — mavjud ko'p manbali RNA-seq ma'lumotlarini integrativ bioinformatik yondashuv yordamida tahlil qilish orqali *G. max* va *V. vinifera* o'simliklarida qurg'oqchilik stressiga javob beruvchi yangi yoki avval etarlicha o'rganilmagan genlarni aniqlashdir. Bu natijalar kelajakda abiotik stresslarga chidamli navlarni yaratish uchun genetik seleksiya dasturlariga ilmiy asos bo'lib xizmat qilishi mumkin.

Transkriptom tahlillarida foydalanilgan barcha RNA-seq ma'lumotlar NCBI Sequence Read Archive (SRA) ma'lumotlar bazasidan yuklab olindi. Ma'lumotlarni samarali va tezkor yuklab olish uchun kingfisher dasturiy paketidan (versiya 0.4.1) foydalanildi. Ushbu vosita bioconda kanali orqali o'rnatildi. Bu o'z navbatida SRA, ENA hamda AWS manbalaridan parallel ravishda ma'lumotlarni yuklash imkonini beradi. Shuningdek, katta hajmdagi sekvens ma'lumotlarini yuklash jarayonini sezilarli darajada optimallashtiradi.

Yuklab olingan qayta ishlanmagan RNA-seq ma'lumotlari FastQC (<https://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/fastqc/>) yordamida sifat nazorati (quality control) jarayonidan o'tkazildi va faqat yuqori sifatli o'qishlar (reads) keyingi bioinformatik tahlillar uchun tanlab olindi. O'qishlar sifatini yaxshilash va past sifatli bazalarni kesib tashlash maqsadida, fastp v1.0.1 [10] dasturidan foydalanilib, filtrlash va trimming jarayoni amalga oshirildi. Keyingi bosqichda tozalangan o'qishlar mos ravishda quyidagi referens genomlarga xaritalanib, genetik joylashuvi aniqlashtirildi:

- soya genomi: Glycine max Wm82.a4.v1 (https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Gmax_Wm82_a4_v1)

- uzum genomi: Vitis vinifera v2.1 (https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Vvinifera_v2_1)

Xaritalash jarayoni yuqori aniqlikdagi taqqoslashni ta'minlovchi HISAT2 [11] vositasi yordamida amalga oshirildi. Har bir stress ta'siri ostida bo'lgan namunalar va nazorat namunalaridagi biologik takrorlar uchun klasterlash asosiy komponentlar tahlili (Principal Component Analysis, PCA) yordamida amalga oshirildi. PCA barcha ma'lumotlar to'plamlari uchun log₂ fold change qiymatlaridan foydalanib, guruhlararo farqni va takrorlarning yaxlitligini baholash imkonini berdi. Transkriptlarning miqdorini hisoblash uchun FeatureCounts [12] dasturining 1.6.4 versiyasidan foydalanildi. Ushbu paket xari-

talashtirilgan o'qishlarni annotatsiya fayli (GTF) asosida genlar bo'yicha guruhlab, transkriptlar sonini aniqlaydi va differensial ekspressiya tahliliga tayyor bo'lgan hisoblash ma'lumotlarini yaratadi.

Qurg'oqchilik va sovuq stress sharoitidagi farqli ekspressiyalanuvchi genlarni (DEGs) aniqlash uchun DESeq2 [13] statistik R paketidan foydalanildi. DESeq2 ma'lumotlarni avtomatik ravishda normalallashtiradi, tahlil jarayonida biologik variatsiyani hisobga oladi va statistik signifikantlikni aniqlaydi. Farqli ekspressiyalanuvchi genlarni hisoblashda asosiy mezonlari sifatida quyidagilar belgilandi:

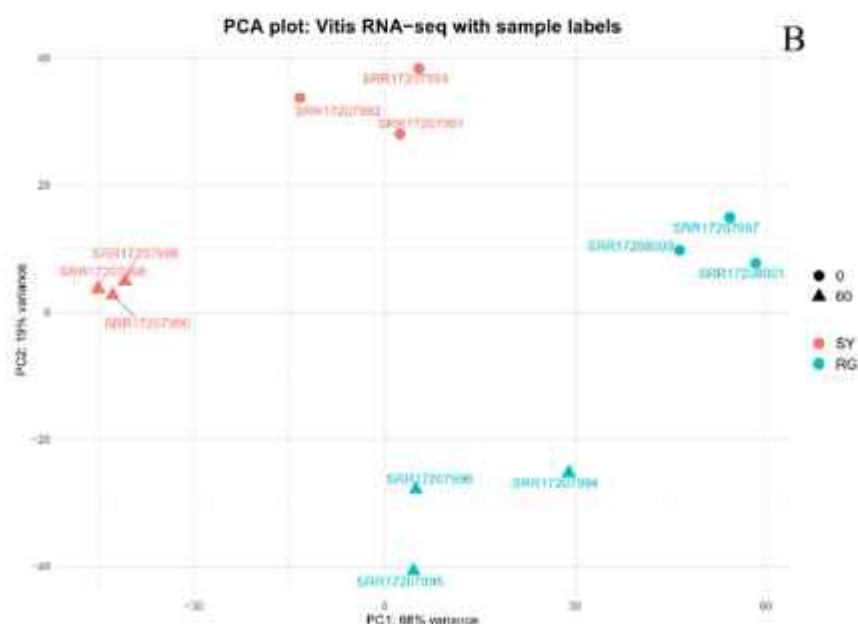
- $p\text{-qiymat} \leq 0.05$,
- $\text{FDR (False Discovery Rate)} \leq 0.05$,
- $|\log_2 \text{Fold Change}| \geq 1$.

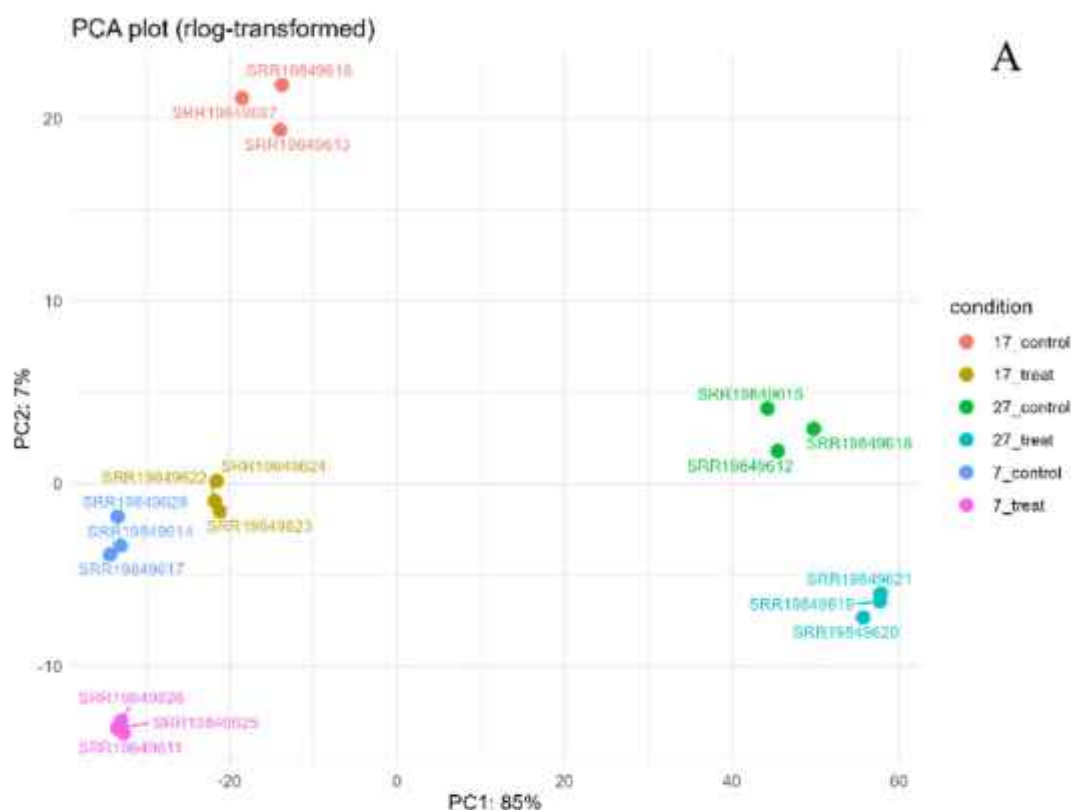
Natijada qurg'oqchilik (soya o'simligida) va sovuq (uzum o'simligida) stress sharoitiga javob sifatida har ikkala o'simliklarda farqli ekspressiyalanuvchi genlar to'plamlari shakllantirildi. Aniqlangan genlarning funksional annotatsiyasi Gen Ontology (GO) ma'lumotlar bazasi yordamida amalga oshirildi. Barcha molekulyar yo'llar Kioto genlar va genomlar ensiklopediyasi (KEGG) yordamida tekshirildi.

NATIJA VA MUHOKAMA

Sifat nazoratidan o'tkazilgan sekvenlash natijalari mos ravishda *Glycine max* va *Vitis vinifera* namunalarining referens genomlari bilan yuqori aniqlikda taqqoslandi. Xaritalash (mapping) samaradorligi namunalar bo'yicha 78% dan 96% gacha oraliqda bo'lib, bu sekvenlash ma'lumotlarining sifati va tayyorlangan kutubxonalar ishonchligini tasdiqlaydi.

Umumiy gen ekspressiyasidagi o'zgaruvchanlikni va namunalar orasidagi aloqadorlikni baholash maqsadida asosiy PCA amalga oshirildi. Tahlil natijalari shuni ko'rsatdiki, birinchi asosiy komponent (PC1) soya namunalarida umumiy dispersiyaning 85% qismini (1-rasm, A) va uzum namunalarida 68% qismini (1-rasm, B) izohlaydi. Ushbu komponent, asosan, stress sharoitlariga yoki ishlatilgan davolash bosqichlariga qarab namunalarni aniq guruhlariga ajratdi. Ikkinchi asosiy komponent (PC2) mos ravishda soyada 7% va uzumda 19% dispersiyani tushuntirib, qolgan biologik yoki texnik farqlarni aks ettiradi. PCA diagrammasida (1-rasm) kuzatilganidek, biologik dublikatlar (biological replicates) o'zaro yuqori darajada klasterlashgan bo'lib, tajriba dizaynining ishonchliligi va batch effect (namunalar tayyorlanishidagi texnik o'zgaruvchanlik) mavjud emasligini ko'rsatadi. Bu holat gen ekspressiyasidagi aniqlikni va keyingi differensial tahlillar uchun ma'lumotlarning mosligini tasdiqlaydi.





1-rasm. Normalizatsiyalangan gen ekspressiya ma'lumotlari asosida PCA tahlili. Dublikatlarning bir joyda klasterlanishi ma'lumotlarning yuqori ishonchliligini ko'rsatadi.

Har bir tajriba guruhini mos ravishda nazorat namunalariga taqqoslab, **differensial ekspressiyalangan genlar** (aniqlandi. Bu jarayonda **DESeq2** statistik paketi yordamida normalizatsiyalangan gen ekspressiya ma'lumotlari asosida **false discovery rate (FDR)** qiymati < 0.05 va $|\log_2 \text{FoldChange}| \geq 1$ bo'lgan genlar ishtirok etuvchi DEG sifatida ajratib olindi. Tanlangan filtrlar gen ekspressiyasidagi statistik ishonchlilikni va biologik ahamiyatli o'zgarishlarni kafolatlash maqsadida qo'llanildi.

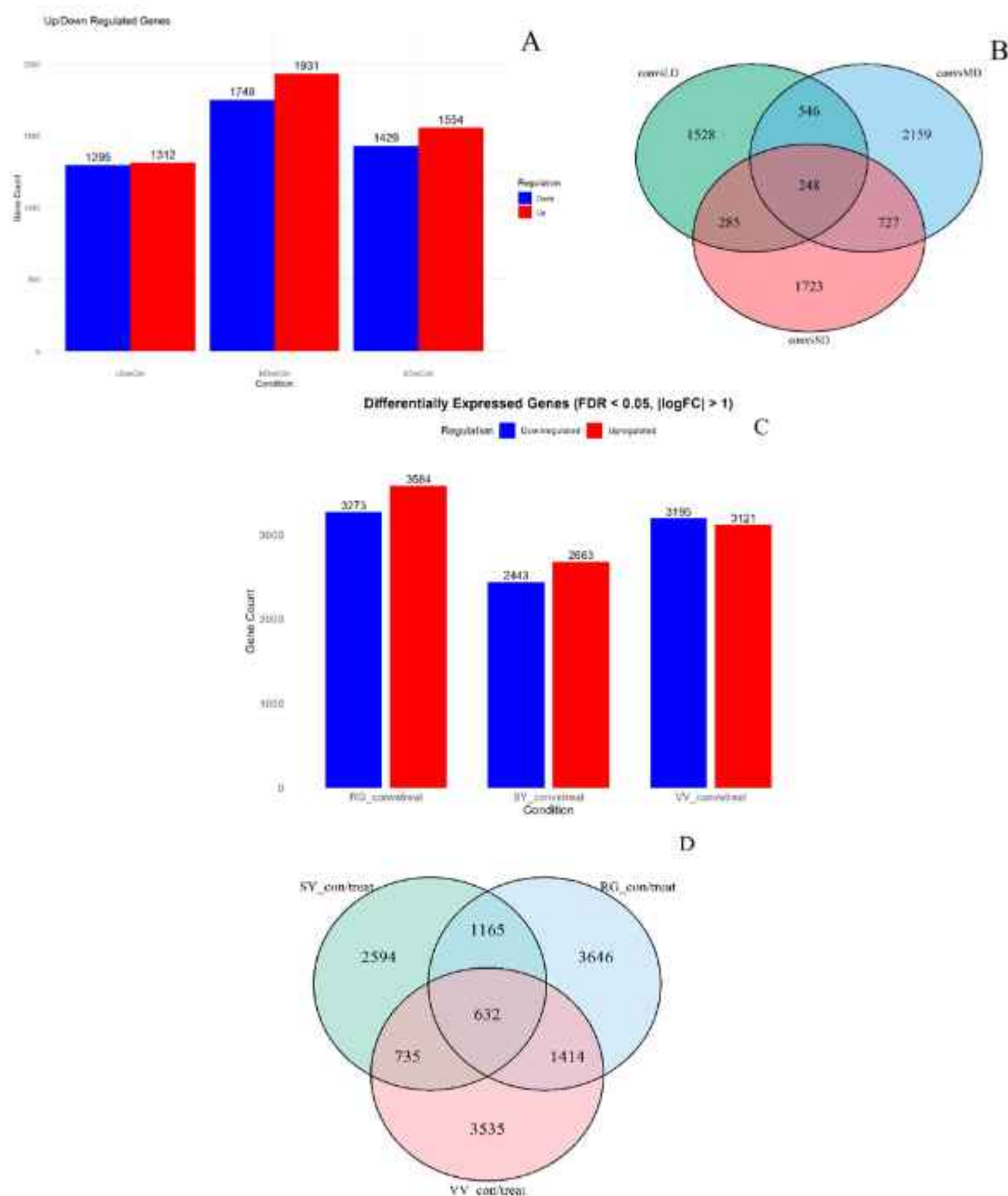
O'tkazilgan tahlil natijalariga ko'ra, soya (namunalarining birinchi guruhda umumiy 2607 ta (1295 downregulated, 1321 upregulated), ikkinchi guruhda 3680 ta (1749 downregulated, 1931 upregulated), uchinchi guruhda 2528 ta (1438 downregulated, 1554 upregulated) differensial ifodalangan genlar aniqlandi (2-rasm, A). Soya bo'yicha barcha guruhlarini birlashtirgan holda umumiy o'zaro mos differensial genlar soni 248 tani tashkil etgan (2-rasm, B), bu esa stressga umumiy javob beruvchi asosiy gen to'plamini ko'rsatadi.

Uzum namunalarida esa mos ravishda birinchi guruhda 6857 ta (3273 downregulated, 3584 upregulated), ikkinchi guruhda 5126 ta (2443 downregulated, 2683 upregulated) va uchinchi guruhda 6316 ta (3195 downregulated, 3121 upregulated) farqli ekspressiyalangan genlar aniqlandi (2-rasm, C). Umumiy turli guruhlar bo'yicha o'zaro mos differensial ifodalangan genlar soni 632 tani tashkil etdi (2-rasm, D).

Bundan tashqari, turli stress sharoitlarida **umumiy va o'ziga xos farqli genlarni** aniqlanishi uchun Venn diagrammalar tuzildi (2-rasm, B va D). Ushbu diagrammalar tahlili ayrim genlarning bir nechta stress sharoitida barqaror regulatsiya qilinishini, boshqa genlarning esa faqat ma'lum bir ishlov bosqichida o'ziga xos tarzda ekspressiyalanganligini ko'rsatadi. Bu esa umumiy stress javob mex-

anizmlaridan tashqari, stress turi, ishlov sharoiti yoki navga xos molekulyar javob strategiyalarini ham ko'rsatib beradi.

Ushbu natijalar, turli **abiotik stress** omillariga javob beruvchi genlarning kompleks tarmoq mexanizmlarini tushunish uchun asos bo'lib xizmat qiladi va keyingi **gen funksional annotatsiyasi** va **enrichment tahlillarini** amalga oshirish uchun muhim ma'lumotlar manbai sifatida qaraladi.



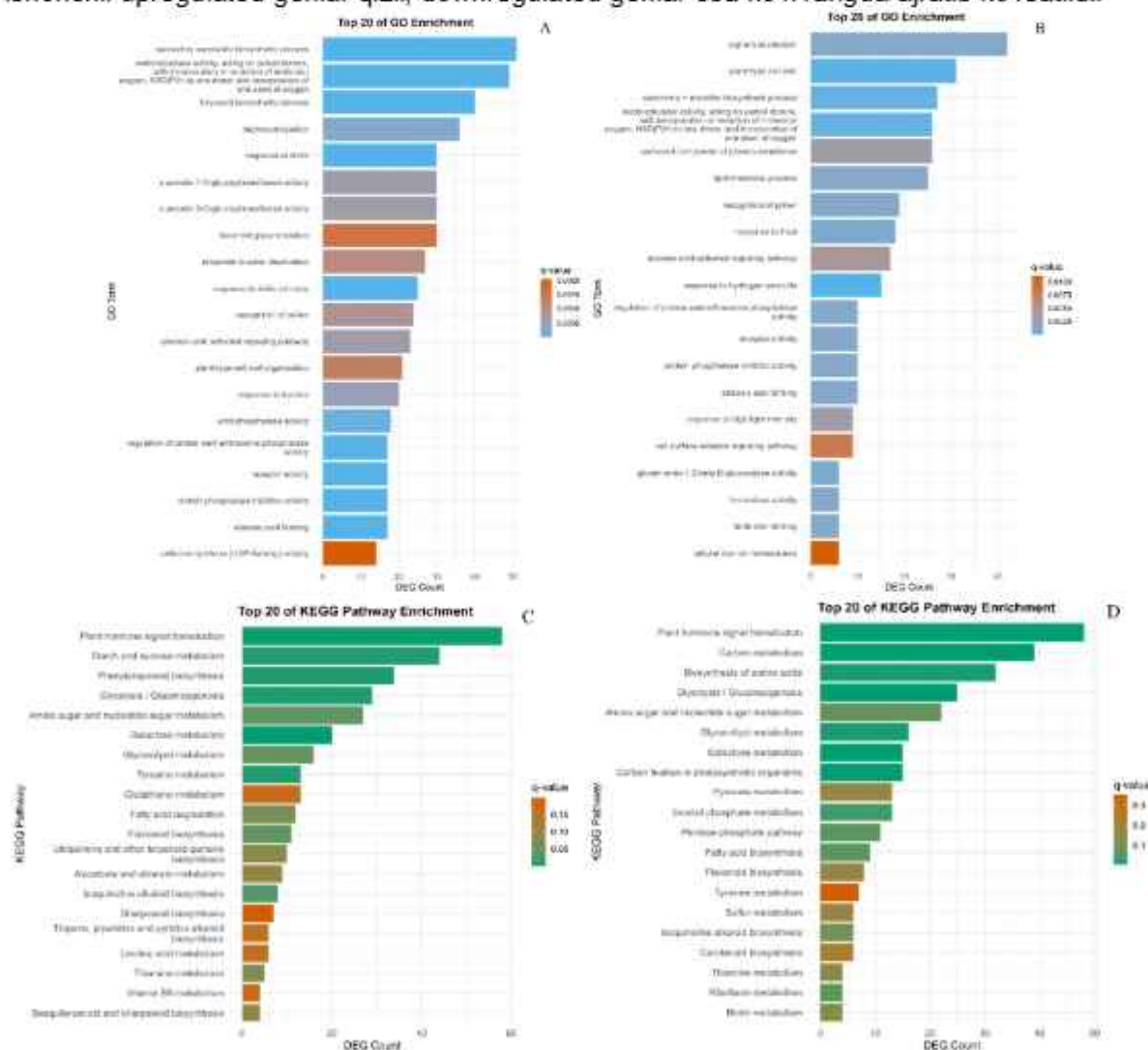
2-rasm. A, C ishlov guruhlari bo'yicha up- va down-regulyatsiya qilingan differensial genlar sonining taqsimlanishi. Bar diagrammada har bir replikat bo'yicha DEG lar soni ko'rsatilgan. Tahlilda

BIOLOGIYA

FDR < 0.05 va $|\log_2(\text{qiymat o'zgarishi})| \geq 1$ mezonlari asosida ajratilgan. B,D turli sinov guruhlarida o'rtasida umumiy va o'ziga xos farqli ekspressiyalangan genlarning Venn diagrammasi. Diagrammada genlarning qaysi guruhlar o'rtasida umumiy yoki faqat o'ziga xos ekanligi ko'rsatilgan.

O'tkazilgan farqli ekspressiyalangan genlar (DEGs) tahlilini yanada chuqurroq tushunish maqsadida Gene Ontology (GO) va Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes (KEGG) boyitish tahlillari amalga oshirildi.

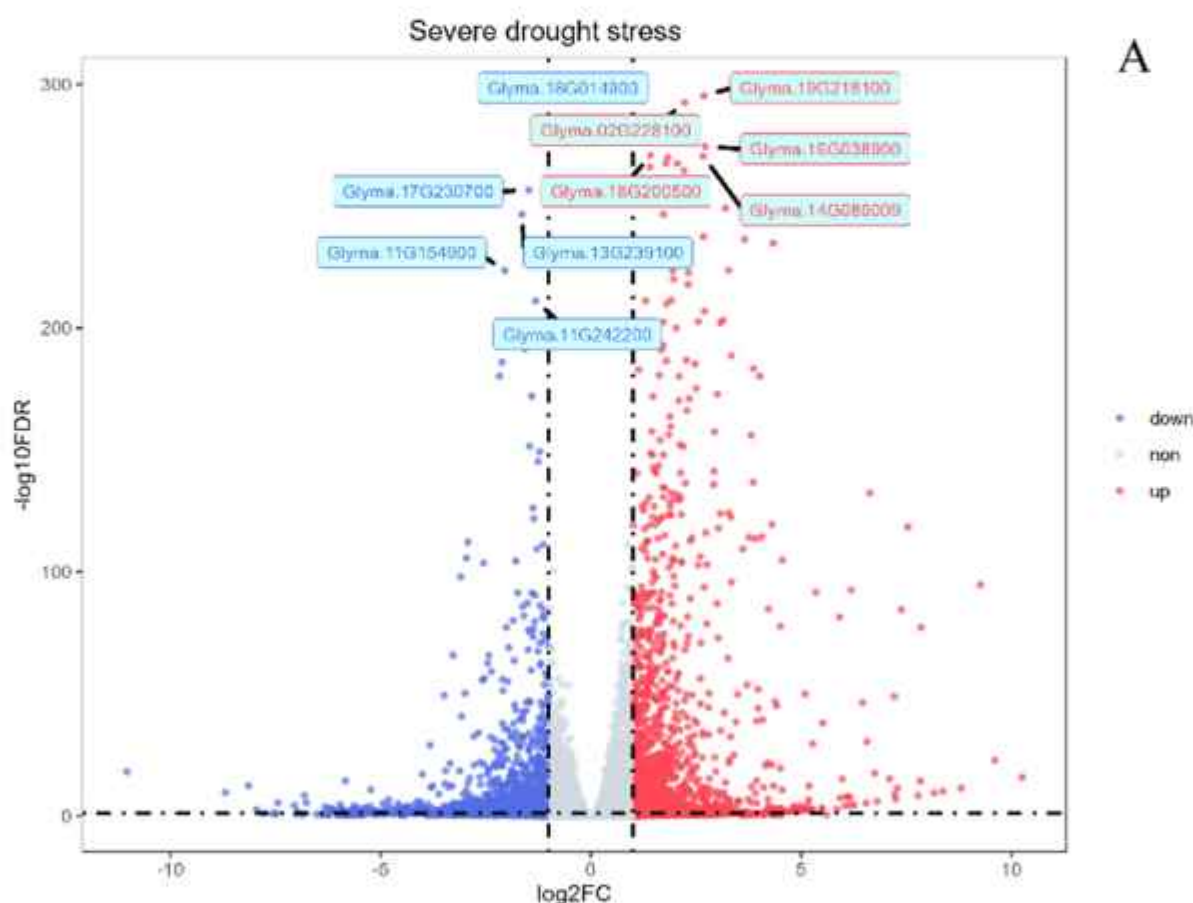
Aniqlangan DEGLar asosan biologik jarayonlar (BP), hujayraviy komponentlar (CC) va molekulyar funksiyalar (MF) toifalarida funksional guruhlariga ajratildi. GO boyitish natijalari shuni ko'rsatdiki, har ikkala o'simlik namunalari stress sharoitida DEGLar asosan reaktiv kislorod turlari bilan kurashish, osmotik stressga javob reaksiyasini shakllantirish, signal uzatish yo'llari, va transkripsiya faktorlarini faollashtirish kabi jarayonlar bilan bog'langan (3-rasm A,B). KEGG yo'llari tahlilida esa abiotik stressga javob beruvchi metabolik yo'llar, jumladan phenylpropanoid biosintez, amino shaker sintezi, hamda o'simlik gormon signal transduksiya yo'llari sezilarli darajada boyitilganligi kuzatildi (3-rasm C,D). Yuqorida qayd etilgan DEGLarni vizual tarzda ekspressiya uchun volcano plot chizildi (4-rasm). Volcano plot yordamida genlarning $\log_2\text{FoldChange}$ qiymati va $-\log_{10}(\text{FDR})$ qiymatlari o'zaro taqqoslanib, statistik ishonchli va biologik ahamiyatli DEGLar ajratib ko'rsatildi. Diagrammada yuqori ishonchli upregulated genlar qizil, downregulated genlar esa ko'k rangda ajratib ko'rsatildi.

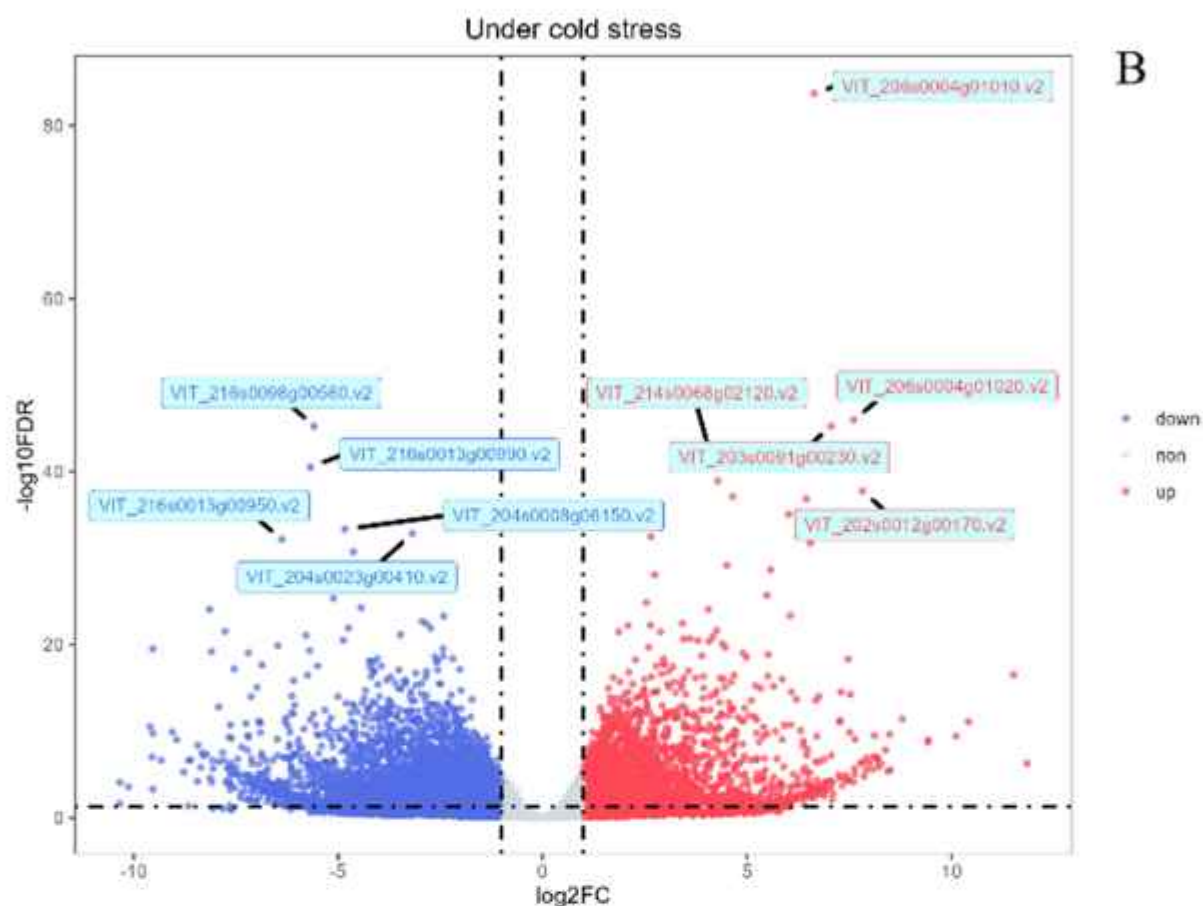


3-rasm. Top 20 ta DEGlarni GO/KEGG boyitish tahlili natijalari (soya A,C; uzum B,D). farqli ekspressiyalangan genlar asosida Goseq dasturi yordamida tuzildi. FDR < 0.05 bo'yicha ishonchli boyitilgan kategoriyalar ko'rsatilgan. Dotplot stress sharoitida nazoratga nisbatan farqli ekspressiyalangan genlar asosida clusterProfiler paketi yordamida tuzildi. P.adjust < 0.05 bo'yicha ishonchli boyitilgan yo'llar ko'rsatilgan.

Umuman olganda, GO/KEGG boyitish tahlili, volcano plot natijalari birgalikda olib qaratilganda, stress sharoitida sinalgan guruhlar va nazorat namunalari moslashuv jarayonlari, himoya mexanizmlari hamda signalizatsiya yo'llari murakkab va o'zaro bog'liq tarzda faollashganini ko'rsatadi.

Olingan barcha tahlil natijalariga ko'ra soyada Glyma.03G050100, Glyma.01G124500, Glyma.18G205800, Glyma.13G162600, Glyma.19G218100 hamda Glyma.16G03890 genlari qurg'oqchilik stressi bilan, uzumda VIT 202s0012g00170.v2, VIT 203s0091g00230.v2, VIT206s0004g01010.v2, VIT214s0068g02120.v2, VIT216s0098g00560.v2, VIT216s0013g00950.v2 hamda VIT216s0013g00990.v2 genlari sovuq stressi bilan aloqador yangi genlar sifatida topildi. Bu genlar kelajakda seleksiya yoki gen muhandisligi orqali soya va uzum kabi muhim qishloq xo'jaligi ekinlarining abiotik stresslarga chidamliligini oshirishda muhim manba bo'lib xizmat qilishi mumkin.





4-rasm. Soyada (A) qurg'oqchilik, uzumda (B) sovuq stressi sharoitiga nisbatan farqli ekspres-siyalangan genlarning volcano plot grafigi. Grafikda $FDR < 0.05$ va $|\log_2 \text{fold change}| \geq 1$ bo'yicha ishonchli oshgan va kamaygan genlar ajratib ko'rsatilgan (DESeq2 metodi).

XULOSA

Ushbu tadqiqot doirasida soya va uzum namunalari oid abiotik stresslarga aloqador bi-
 oloyiha ma'lumotlari integrativ RNA-seq tahlili asosida qayta tahlil qilindi. Natijada ushbu o'simliklarda
 abiotik stresslar (qurg'oqchilik, sovuq) ta'sirida farqli ekspressiyalangan genlar aniqlandi. Umumiy tahlil
 natijalarga asoslanib, soyada Glyma.03G050100, Glyma.01G124500, Glyma.18G205800, Gly-
 ma.13G162600, Glyma.19G218100 hamda Glyma.16G03890 genlari qurg'oqchilik stressi bilan,
 uzumda esa VIT202s0012g00170.v2, VIT203s0091g00230.v2, VIT206s0004g01010.v2,
 VIT214s0068g02120.v2, VIT216s0098g00560.v2, VIT216s0013g00950.v2 va VIT216s0013g00990.v2
 genlari sovuq stressiga moslashish bilan aloqador genlar sifatida tavsiflandi.

Ushbu natijalar soya va uzum navlarida turli stress omillariga javoban gen ekspressiyasining
 umumiy va o'ziga xos xususiyatlarini aniqlashga imkon berdi. Aniqlangan potensial marker genlar kel-
 gusida genetik modifikatsiya, funksional validatsiya va markerlarga asoslangan seleksiya tadqiqotlari
 uchun ilmiy asos bo'lib xizmat qiladi.

Tadqiqot O'zbekiston Respublikasi Fanlar akademiyasi tomonidan yo'naltirilgan Davlat byudjeti
 mablag'lari hisobidan O'zR FA Genomika va bioinformatika markazida amalga oshirildi.

ADABIYOTLAR RO'YXATI

1. Wang, W., Vinocur, B., and Altman, A. (2003). Plant responses to drought, salinity and extreme temperatures: towards genetic engineering for stress tolerance. *Planta* 28, 1–14. doi: 10.1007/s00425-003-1105-5
2. Wania, S. H., Kumar, V., Shriram, V., and Sah, S. K. (2016). Phytohormones and their metabolic engineering for abiotic stress tolerance in crop plants. *Crop J.* 4, 162–176. doi: 10.1016/j.cj.2016.01.010
3. L. Hannah, P.R. Roehrdanz, M. Ikegami, A.V. Shepard, M.R. Shaw, G. Tabor, L. Zhi, P.A. Marquet, & R.J. Hijmans, (2013). Climate change, wine, and conservation, *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 110 (17) 6907-6912, <https://doi.org/10.1073/pnas.1210127110>
4. IPCC (2021). Climate Change (2021): The Physical Science Basis. Contribution of Working Group I to the Sixth Assessment Report of the Intergovernmental Panel on Climate Change. Cambridge University Press. DOI: 10.1017/9781009157896.
5. FAO. (2021). The State of the World's Land and Water Resources for Food and Agriculture – Systems at breaking point. Rome: Food and Agriculture Organization of the United Nations. DOI: 10.4060/cb9910en.
6. 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>
7. Hirayama, T., & Shinozaki, K. (2010). Research on plant abiotic stress responses in the post-genome era: Past, present and future. *The Plant Journal*, 61(6), 1041–1052. DOI: 10.1111/j.1365-3113.2010.04124.x
8. Zandalinas, S. I., Mittler, R., Balfagón, D., Arbona, V., & Gómez-Cadenas, A. (2018). Plant adaptations to the combination of drought and high temperatures. *Physiologia Plantarum*, 162(1), 2–12. <https://doi.org/10.1111/pp1.12540>
9. Li, X., et al. (2019). Impact of climate change on soybean production in Northeast China. *Climatic Change*, 153(1–2), 123–140. DOI: 10.1007/s10584-019-02362-2
10. Chen S, Zhou Y, Chen Y, Gu J. (2018) fastp: an ultra-fast all-in-one FASTQ preprocessor. *Bioinformatics*. 1;34(17):i884-i890. doi: 10.1093/bioinformatics/bty560. PMID: 30423086; PMCID: PMC6129281.
11. Kim, D., Langmead, B. & Salzberg, S. L. (2015) HISAT: A fast spliced aligner with low memory requirements. *Nat. Methods* 12, 357–360. <https://doi.org/10.1038/nmeth.3317>
12. Liao, Y., Smyth, G. K. & Shi, W. (2013) FeatureCounts: An efficient general purpose program for assigning sequence reads to genomic features. *Bioinformatics* 30, 923–930. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btt656>
13. Love, M. I., Huber, W., and Anders, S. (2014). Moderated estimation of fold change and dispersion for RNA-seq data with DESeq2. *Genome Biol.* 15 (12), 550. doi:10.1186/s13059-014-0550-8