УДК 577.21

МОЛЕКУЛЯРНЫЙ АНАЛИЗ РАСТЕНИЙ ВИДА *ATRIPLEX PRATOVII* И *ATRIPLEX TATARICA,* ПРОИЗРАСТАЮЩИХ НА ВЫСОХШЕМ ДНЕ АРАЛЬСКОГО МОРЯ

Д.Ш.Матчанова, М.К.Кудратова, О.С.Тураев, Ф.Н.Кушанов

Мақолада Atriplex pratovii ва Atriplex tatarica турлари ўсимликларидаги шўрланишга чидамлилик генларининг молекуляр таҳлили ва тавсифи ёритилган. Экспериментал тадқиқот геном ДНК ажратиш, полимераза занжир реакцияси (ПЗР), гел электрофорез ва генотиплаш каби молекуляр генетик усуллар ёрдамида амалга оширилди. ПЗР маҳсулотининг молекуляр оғирлиги 2,5% агароза гелида, гел электрофорез таҳлили усулида аниқланди. Олинган натижалар Atriplex pratovii ва Atriplex tatarica турларида NCED2, PYL4, NHX2, RBOH, SAPK2, ABI5, POD2, GR, SOC2, CBL10, PP2C8 генларини клонлаш, ген экспрессияси ва нуклеотидлар кетма-кетлигини аниқлаш учун бирламчи илмий маълумотлар сифатида ишлатилиши мумкин.

Калит сўзлар: *молекуляр таҳлил, Atriplex pratovii, Atriplex tatarica, ДНК, маркер, ген, шўрга чидамлилик.*

В статье освещены молекулярный анализ и характеристика генов солеустойчивости у растений видов Atriplex pratovii и Atriplex tatarica. Охарактеризовано исследование, которое было проведено при помощи молекулярно-генетических методов, таких как выделение дезоксирибонуклеиновых кислот (ДНК), полимеразная цепная реакция (ПЦР), гель-электрофорез и генотипирование. Для определения длины ПЦР продукта использовали 2,5% агарозный гель, методом гель-электрофореза. Полученные результаты могут быть использованы в качестве первичных научных данных для клонирования, определения нуклеотидной последовательности и экспрессии генов NCED2, PYL4, NHX2, RBOH, SAPK2, ABI5, POD2, GR, SOC2, CBL10, PP2C8.

Ключевые слова: *молекулярный анализ, Atriplex pratovii, Atriplex tatarica, ДНК, маркер, ген, солеустойчивость*.

Введение

Большое теоретическое и практическое значение имеет изучение приспособления видов растений к различным экологическим условиям в период формирования почв высохших районов Аральского моря.

До настоящего времени молекулярно-генетическими методами полиморфные (морфологически сходные и изменчивые) виды растений, произрастающие в разных регионах страны не изучены. Выявление полиморфных видов с помощью ДНК-маркеров (область штрих-кода ДНК) современными молекулярно-биологическими методами является одной из важных задач, стоящих сегодня перед молекулярной таксономией.

Поэтому молекулярно-генетическими методами исследования были идентифицированы некоторые полиморфные таксоны, т.е. ДНК-баркод (маркерные) гены. Одним из таких полиморфных видов является растение – вида *Atriplex pratovii* Sukhor.

В 2003 г. А.П. Сухоруков [1] выделил растение, произрастающие в северной части высохшего дна Аральского моря, как новый вид, независимый от других видов *Atriplex fomini*. Этого образца (растения) исследователь назвал *Atriplex pratovii*, в честь известного узбекского флориста О.Пратова, первого систематика, изучавшего систематику видов семейства *Atriplex*, произрастающих в Средней Азии и Северной Африке.

Atriplex pratovii – однолетнее растение относится к семейству Маревых (*Chenopodioideae*), высотой 30-70 см. Стебли прямостоячие, сильно разветвленные. Листья крупные, расположенные, длиной 30 мм, шириной 13-14 мм, гладкие (некоторые участки загнуты), края цельно-крайние, развитые покатые. Цветки однополые. Пыльцевые цветки 5-лопастные, семенные цветки рыхлые или соединенные лепестки, окруженные двумя пыльцевыми зернами. Плоды длиной 8 мм и

шириной 7 мм. Семена округлые, гладкие, голые, серо-коричневые. Цветет и плодоносит в августе-сентябре. Размножается семенами. Эндемичный вид Приаралья, встречается единично.

Растение вида *Atriplex pratovii* произрастает в почвах с умеренным засолением (1,8–2,5%); Cl 0,1–0,23% в почвах с хлоридно-сульфатным и сульфатным засолением или 1,3–1,8%; Cl 0,1–0,23% – хлоридное и хлоридное засоление) относится к группе эугалофитов. Популяции этого вида хорошо проходят вегетационный период на участках с меньшей засоленностью почв и не теряют своей доминантности в фитоценозе. Эти виды образуют сукцессии на больших площадях, где они обезвожены в течение нескольких лет (5–10 лет) [3].

Другой вид рода *Atriplex* - это растение *Atriplex tatarica.* Однолетник, 30-90 см высотой, прямостоячий, ветвистый, стебель затвердевший, угловато-полосатый. Листья до 5х4 см, нижние, длинночерешковые, округлые или заострённые на вершине, в основном неправильно выемчато-зубчатые, надрезанные или лопастные. Цветки в соцветиях и одиночные, первые с тычиночными и пестичными цветками, образующими преимущественно безлистные короткие колосья или метелки; последние только пестичные, рассеянные в пазухах средних и верхних листьев. Семена 1,6 мм в диаметре, чечевицеобразные, черно-коричневые. Цветет и плодоносит в июле–сентябре.

Растение вида *Atriplex tatarica* приспособлен к произрастанию в почвах с более низким засолением (1,3–1,8%); Cl 0,03–0,1% (в почвах с хлоридной-сульфатным и сульфатным засолением) или 0,9–1,4%; Cl 0,03–0,1% (при сульфатно-хлоридном и хлоридном засолении)) относится к группе гемигалофитов. Такие виды проводят средний вегетационный период в почвах с более низким уровнем засоления. В отдельные периоды доминирует в растительном покрове. Представители этой популяции могут расти в высокоминерализованных типах почвы. В таких случаях он теряет своё господство в растительности [2]. Виды растений, относящиеся к этой группе, широко распространены в районах затопления морской водой в течение (5) 15–20 (25) лет [3].

Вопрос о том, какие представители растений первыми заходят на территории, опустевшие в результате высыхания моря, имеет большое теоретическое и практическое значение.

Анализ растений видов рода *Atriplex* по группам в зависимости от уровня влажности почвы показал, что растения, первоначально появляющиеся на сухом дне моря, формируются в зависимости от солёности почвы, солено-водного режима, литологического состава и глубины залегания подземных вод. Однако экологи, флористы и систематики, проводившие исследования в Арало-Каспийских регионах в течение нескольких лет [4], отмечают, что гомологичный вариант этого вида, т.е. его форма, находится в этом регионе.

Тем не менее, в ходе наших исследований было очень трудно показать в лаборатории точный тип собранных из природы гербарных образцов (*A.pratovii, A.fomini* или *A.tatarica*) по морфологическим признакам. В такие моменты образцы гербария, собранные исследователями, остаются незамеченными.

Проведён ряд научных исследований по карпологии и систематике некоторых видов рода *Atriplex* [5]. Анализ доступных научных источников показал, что никаких конкретных молекулярно-генетических исследований по типу растений видов *A.pratovii* и *A.tatarica* не проводилось. Базы данных NCBI, EMBL-EBI и DDBJ не содержат данных о нуклеотидной последовательности растений видов *A.pratovii* и *A.tatarica.*

В данной работе нами изучены солеустойчивые гены растений видов *Atriplex pratovii* и *A.tatarica*, произрастающих на высохшем дне Аральского моря.

Объекты и методы

Объектами исследования были выбраны растения видов *Atriplex pratovii* и *Atriplex tatarica,* принадлежащий к роду *Atriplex*, произрастающие на высохшем дне Аральского моря. В 2021 году, при помощи специальных методов был собран биоматериал для лабораторного анализа. Для сохранения естественного состояния образцы хранили в холодильнике при температуре -20° С.

Для выполнения поставленных задач в лаборатории были проанализированы выбранные биоматериалы растений видов *Atriplex pratovii* и *Atriplex tatarica*, принадлежащие к семейству *Chenopodiaceae.* Со-

бранные биологические материалы данных видов растений использовалось для проведения дальнейших молекулярно-биологических анализов.

Проводили эксперимент в лаборатории Экспериментальной полиплоидии и филогении хлопчатника Института генетики и экспериментальной биологии растений.

Используя различные литературные источники, изучены влияние засухи; заболевании, вызванные различными болезнетворными вирусами и бактериями; устойчивость к абиотическим и биотическим факторам внешней среды у модельных организмов. Был составлен список различных ассоциированных генов-маркеров. Например, ген *NHX2* контролирующий солеустойчивость у растений, была изучена у растения вида *Arabidopsis thaliana,* а гены *CAT*, *NCED1/2*, *CBL10*, *PP2C78* – ответственные за устойчивости к засухе, засолению и различным абиотическим стрессовым факторам были изучены у растений видов *Nicotiana tabacum, G.davidsonii* и *Arabidopsis thaliana* [6].

Таким образом, в результате исследований, были изучены следующие гены-маркеры, приведённые в таблице 1.

Таблица 1.

Функции генов-маркеров устойчивые к абиотическим стрессам

№	Название маркера	Функция
1	*RBOH*	Кальций-зависимая НАДФН-оксидаза, образующая супероксид. Играет важную роль в регуляции реакции гиперчувствительности (HR).
2	*GR*	Устойчив к солевому стрессу.
3	*SOC2*	Кальций-зависимая протеинкиназа, которая действует как сенсор и эффектор внутриклеточных уровней Ca2+.
4	*CBL10*	Устойчив к абиотическим стрессам.
5	*PP2C8*	H2O + O-фосфо-L-серил-[белок] = L-серил-[белок] + фосфат. Устойчив к солевому стрессу.
6	*BCH*	Засухоустойчив.
7	*NCED1*	Положительный регулятор созревания плодов, участвующий в биосинтезе абсцизовой кислоты (АБК); инициирует биосинтез АБК в начале созревания плодов. Устойчив к солевому стрессу.
8	*PYL4*	Устойчив к засухе и солевому стрессу.
9	*NHX2*	Устойчив к солевому стрессу.
10	*POD1*	Компонент комплекса кальретикулин-3 (CRT3), действующий, как кошаперон, участвующий в удержании белка в просвете эндоплазматического ретикулума.
11	*SAPK2*	Может играть роль в передаче сигнала гиперосмотической реакции. Устойчив к солевому стрессу.
12	*ABI5*	Фактор транскрипции, обладающий трансактивирующей активностью у дрожжей. Устойчив к абиотическим стрессам.
13	*CAT*	Участвует в пролиферации и дифференцировке клеток трофобласта. Устойчив к солевому стрессу.
14	*POD2*	Удаление H_2O_2, окисление токсичных восстановителей, биосинтез и деградация лигнина, опробковение, катаболизм ауксинов, реакция на стрессы окружающей среды, такие как ранение, атака патогенов и окислительный стресс. Засухоустойчив.
15	*SOS2*	Компонент рибосомы, большого рибонуклеопротеинового комплекса, ответственного за синтез белков в клетке. Устойчив к солевому стрессу.
16	*CYP707A*	Участвует в контроле покоя и прорастания семян. Засуха и солеустойчив.
17	*PP2C78*	Устойчив к солевому стрессу.

Геномную ДНК выделяли из растительного биоматериала с помощью набора CTAB.

В исследовании использовались молекулярно-биологические методы:

Выделение геномной ДНК.

Метод CTAB (cetyltrimethylammonium bromide) является широко используемым методом для выделения ДНК из растений, позволяет определить необходимое количество нуклеиновых кислот для молекулярно-генетических исследований (особенно полимеразной цепной реакции).

На первом этапе метода CTAB ткани молодых листьев гомогенизировали с использованием жидкого азота для выделения геномной ДНК из исследуемых образцов.

Для выделения ДНК из растений в лабораторных условиях служили биоматериалы.

Использованные реактивы:

- экстракция с использованием растворов 2×CTAB (100mM Tris, 20mM EDTA, pH 8.0);
- хлороформ-изоамил (соотношение 24/1);
- 10×CTAB (0.7M NaCl, 10% CTAB);
- CTAB преципитационного буфера (50mM Tris, 10mM EDTA, 1% CTAB pH-8.0);
- буфер с высоким содержанием соли РНКазы (10mM Tris, 0.1M EDTA, pH-8.0);
- изопропаноловый спирт;
- 70% этиловый спирт;
- TE буфер (10mM Tris pH-8.0, 1mM EDTA pH-8.0).

Растворённую в буфере выделенную геномную ДНК хранили при температуре -20°C в холодильнике [7].

Качество выделенной геномной ДНК определяли в приборе для гель-электрофореза. Отрицательно заряженные молекулы ДНК под действием тока движутся к аноду со скоростью, пропорциональной их размеру. Гель фотографировали в трансиллюминаторе (рис.1). Геномная ДНК хорошего качества выглядит на гель-электрофорезе чёткой полоской. Такой образец брали на анализ.

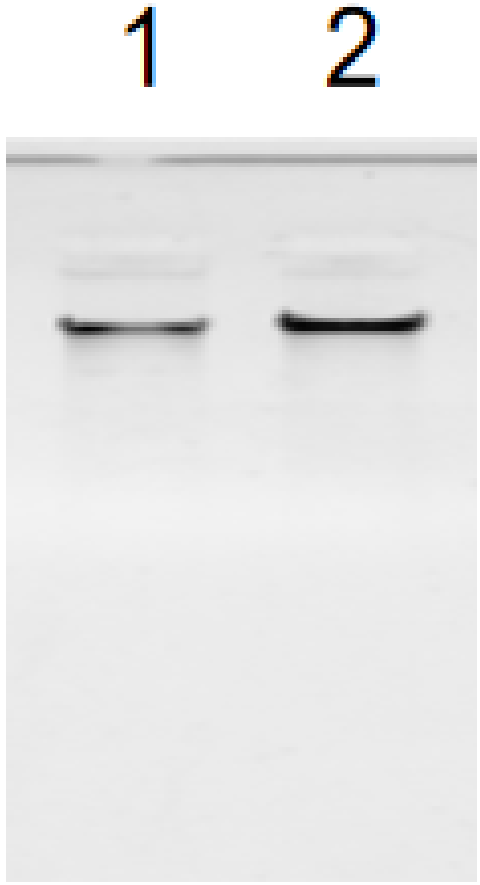


Рис.1. Электрофореграмма геномной ДНК на 0,9% агарозном геле:
1 – растение вида *Atriplex pratovii*; 2 – растение вида *Atriplex tatarica.*

Полимеразная цепная реакция (ПЦР). Полимеразная цепная реакция – этот метод применяется для увеличения исследуемого гена или участков ДНК с помощью специальных праймеров.

На основе геномной ДНК исследуемых образцов проводили ПЦР-анализ в режиме 32 циклов по программе Hot-Start-Short с использованием оборудования ПЦР-амплификатор.

По программе Hot-Start-Short поставили на термоциклические программы ПЦР для амплификации выше указанных генов:

- начальная фаза денатурации 94°C 2 минуты 1 цикл;
- денатурация при 94°C в течение 20 секунд;
- отжиг при 55°C в течение 30 секунд;
- элонгация при 72°C в течение 50 секунд.

Этапы повторялись в 32 последовательных циклах; финальная фаза элонгации продолжалась 7 минут при 72°C [8].

Гель-электрофорез. Для визуализации результатов амплификации используют различные методы. Наиболее распространенным на сегодняшний день является метод электрофореза, основанный на разделении молекул ДНК по размеру. ПЦР проводили гель-электрофорезом на 2,5% агарозном геле для визуализации ампликонов. Для электрофореза использовали 0,5% буфер TBE (Тризма, борная кислота, ЭДТА). К продукту ПЦР добавляли краситель БФС (бромфеноловый синий) для визуализации движения ампликонов в геле. В гель добавляли определенное количество бромистого этидия, чтобы сделать фрагменты ДНК, видимыми под действием ультрафиолетового света в трансиллюминаторе. ПЦР ампликоны, расположенные в соответствии с их молекулярной массой в агарозном геле, фото-документированы [9].

Генотипирование. По результатам гель-электрофореза соответствующие ДНК-маркеры были генотипированы по аллельным состояниям (по их молекулярной массе) в генотипах растений видов *Atriplex pratovii* и *Atriplex tatarica* и введены в программу Microsoft Excel.

Результаты и обсуждения

Используя изученные нами 17 гены-маркеры *BCH*, *NCED2*, *PYL4*, *NHX2*, *POD1*, *RBOH*, *SAPK2*, *ABI5*, *CAT*, *POD2*, *GR*, *SOC2*, *SOS2*, *CYP707A*, *CBL10*, *PP2C8*, *PP2C78*, мы провели ПЦР, на основе последовательностей пар у растений видов *Atriplex pratovii* и *Atriplex tatarica.* Амплификацию проводили в амплификаторе PCR T100™ Thermal Cycler (BIO-RAD, Китай) с использованием специальных праймеров.

Для проведения ПЦР использовали следующие компоненты: AMPLI TaqGold™ FAST PCR Master Mix 2X (Invitrogen, США) с использованием FAST PCR Master Mix 2X -2,25 мкл, ddH2O -1,35 мкл, по 1,0 мкл праймеру *BCH*, *NCED2*, *PYL4*, *NHX2*, *POD1*, *RBOH*, *SAPK2*, *ABI5*, *CAT*, *POD2*, *GR*, *SOC2*, *SOS2*, *CYP707A*, *CBL10*, *PP2C8*, *PP2C78* и 1,0 мкл выделенная геномная ДНК, ПЦР выполнено.

Для определения длины ПЦР продукта использовали 2,5% агарозный гель методом гель-электрофореза. Из продукта ПЦР отбирали 7 мкл и определяли их длину с помощью ДНК-маркера 50 п.н. DNA Ladder (Invitrogen, США).

Затем, с помощью метода гель-электрофореза выявлены продукты ПЦР (Рис.2. и Рис.3.). Изображение на этом геле анализировали с помощью программы GEL-ANALYZER.

Результат проведённого исследования, ПЦР-анализа:

1) В растении вида *Atriplex pratovii,* были синтезированы пары нуклеотидов (п.н.):

- у праймера *NCED2* длиной 241п.н. и 368п.н.;
- у праймера *NHX2* длиной 467п.н.;
- у праймера *RBOH* длиной 225п.н.;
- у праймера *SAPK2* длиной 497п.н.;
- у праймера *ABI5* длиной 203п.н.;
- у праймера *POD2* длиной 578п.н.;
- у праймера *SOC2* длиной 449 п.н.;
- у праймера *CBL10* длиной 446п.н., 657п.н., 713п.н.

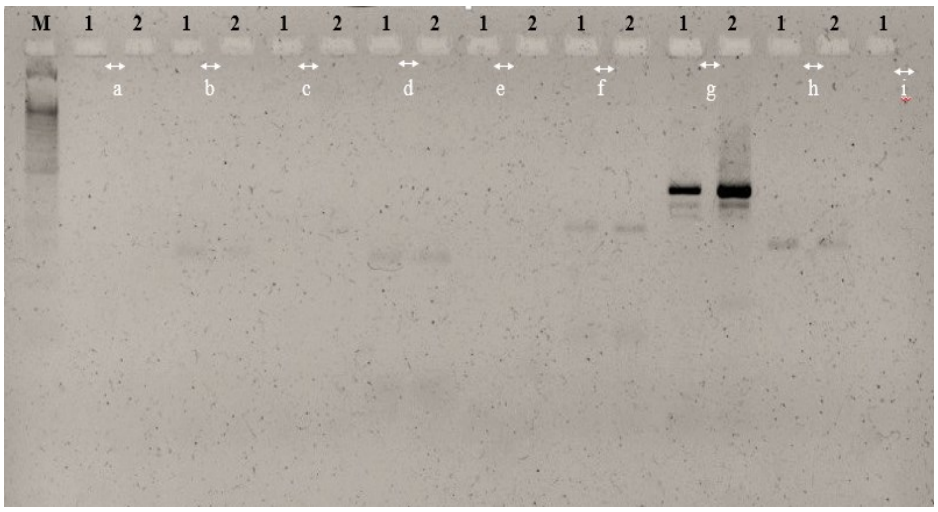


Рис. 2. Электрофореграмма ПЦР-продуктов в агарозном геле.
M – молекулярно-генетические маркер; **1 -** *Atriplex pratovii*; **2 –** *Atriplex tatarica*; **a** – *BCH*, **b** – *NCED2*, **c** – *PYL4*, **d** – *NHX2*, **e** – *POD1,* **f** – *RBOH*, **g** – *SAPK2*, **h** – *ABI5*, **i** – *CAT*.

2) В растении вида *Atriplex tatarica,* были синтезированы пары нуклеотидов (п.н.):
- у праймера *NCED2* длиной 242п.н.,
- у праймера *PYL4* длиной 364п.н.;
- у праймера *RBOH* длиной 219п.н.;
- у праймера *NHX2* длиной 228п.н.;
- у праймера *SAPK2* длиной 480п.н.;
- у праймера *ABI5* длиной 210п.н.;
- у праймера *POD2* длиной 386п.н.;
- у праймера *GR* длиной 466п.н.;
- у праймера *SOC2* длиной 308п.н.;
- у праймера *CBL10* длиной 411п.н., 878п.н. и 1010 п.н.;
- у праймера *PP2C8* длиной 430п.н.

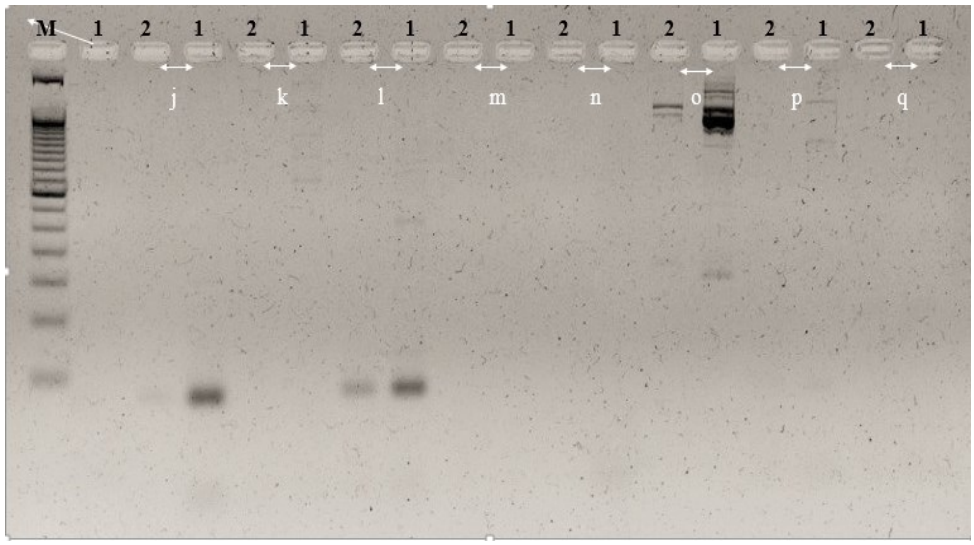


Рис. 3. Электрофореграмма ПЦР-продуктов в агарозном геле.
M – молекулярно-генетические маркер; **1 –** *Atriplex pratovii*; **2 –** *Atriplex tatarica*; **j** – *POD2*, **k** – *GR*, **l**-*SOC2*, **m** – *SOS2*, **n** – *CYP707A*, **o** – *CBL10*, **p** – *PP2C8*, **q** – *PP2C78.*

Определено, что генотипирование в растении вида *Atriplex pratovii* и *Atriplex tatarica,* произрастающем на высохшем дне Аральского моря, присутствуют гены *NCED2*, *NHX2*, *RBOH*, *SAPK2*, *ABI5*, *POD2*, *SOC2*, *CBL10*.

Выводы

Проведён анализ отечественной и зарубежной научной литературы по изучению генов *BCH, NCED2, PYL4, NHX2, POD1, RBOH, SAPK2, ABI5, CAT, POD2, GR, SOC2, SOS2, CYP707A, CBL10, PP2C8, PP2C78.* Изучено история исследования нуклеотидных последовательностей данных генов.

Целью проведения анализов заключалось в получении продуктов ПЦР генов *BCH, POD1, CAT, SOS2, CYP707A, PP2C8, PP2C78, NCED2, PYL4, NHX2, SAPK2, ABI5, POD2, GR* в растениях вида *Atriplex pratovii* и *Atriplex tatarica.*

Эксперимент, проведённый нами, показал, что:

- у растения вида *Atriplex pratovii* гены: *NCED2*, *NHX2*, *RBOH*, *SAPK2*, *ABI5*, *POD2*, *SOC2*, *CBL10* присутствуют.

- у растения вида *Atriplex tatarica* гены: *NCED2*, *PYL4*, *RBOH*, *NHX2*, *SAPK2*, *ABI5*, *POD2*, *GR*, *SOC2*, *CBL10*, *PP2C8* присутствуют.

- гены *BCH*, *POD1*, *CAT*, *SOS2*, *CYP707A*, *PP2C78* не амплифицировались в геномах обоих видов растений.

На основании полученных результатов, мы предполагаем дизайнировать другие праймеры генов *BCH*, *POD1*, *CAT*, *SOS2*, *CYP707A*, *PP2C8*, *PP2C78*, *NCED2*, *PYL4*, *NHX2*, *SAPK2*, *ABI5*, *POD2*, *GR* для подтверждения существования его в растениях *Atriplex pratovii* и *Atriplex tatarica.*

Полученные результаты могут быть использованы в качестве первичных научных данных для определения нуклеотидной последовательности, уровня экспрессии и клонирования генов *NCED2*, *PYL4*, *RBOH*, *NHX2*, *SAPK2*, *ABI5*, *POD2*, *GR*, *SOC2*, *CBL10*, *PP2C8*.

MOLECULAR ANALYSIS OF *ATRIPLEX PRATOVII* AND *ATRIPLEX TATARICA* PLANT SPECIES GROWING ON THE DRIED BOTTOM OF THE ARAL SEA

D.Sh. Matchanova[1], M.K. Kudratova[2], O.S. Turaev[2], F.N. Kushanov[2]

Ilmiy xabarnoma. Seriya: Biologik tadqiqotlar – Scientific Bulletin. Series: Biological Research. 2022. 8(68). 5-12.

[1]Institute of Biophysics and Biochemistry at the National University of Uzbekistan, Tashkent, 100095, Almazar district, st. Talabalar, 174 (Uzbekistan). E-mail: ibb-nuu@mail.ru

[2]Institute of Genetics and Plant experimental biology, Tashkent region, 102151, Kibray district, str. Yukori yuz (Uzbekistan). E-mail: igebr_anruz@genetika.uz

Key words. molecular analysis, Atriplex pratovii, Atriplex tatarica, DNA, marker, gene, salinity tolerance.

It is of great theoretical and practical importance to study the adaptation of plant species to different ecological conditions during the formation of soils in the dried areas of the Aral Sea.

To date, polymorphic (morphologically similar and variable) plant species growing in different regions of the country have not been studied using molecular genetic methods. Identification of polymorphic species using DNA markers (DNA barcode region) by modern molecular biological methods is one of the important tasks facing molecular taxonomy today.

Therefore, some polymorphic taxa, i.e., DNA-barcode (marker) genes, have been identified by molecular genetic research methods. One of such polymorphic species is a plant - species *Atriplex pratovii Sukhor*.

In this work, we studied *Atriplex pratovii* and *A.tatarica* salt tolerance genes growing on the dried bottom of the Aral Sea. The species *Atriplex pratovii* and *Atriplex tatarica* belonging to the genus *Atriplex* growing on the dried bottom of the Aral Sea were chosen as objects of study. In 2021, using special methods, the biomaterial was collected for laboratory analysis. To preserve the natural state, the samples were stored in a refrigerator at -20°C.

Using various literature sources, the effects of drought; diseases caused by various pathogenic viruses and bacteria; resistance to abiotic and biotic environmental factors in the model organisms were studied. A list of various associated marker genes has been compiled. For example, gene *NHX2* controlling salt tolerance in plants was studied in Arabidopsis thaliana, and genes *CAT, NCED1/2,*

CBL10, and PP2C78 - responsible for resistance to drought, salinity and various abiotic stressors were studied in plants of *Nicotiana tabacum, G.davidsonii* and *Arabidopsis thaliana.* Thus, as a result of the research, marker genes were studied.

Using the 17 marker genes *BCH, NCED2, PYL4, NHX2, POD1, RBOH, SAPK2, ABI5, CAT, POD2, GR, SOC2, SOS2, CYP707A, CBL10, PP2C8, PP2C78* that we studied, we performed PCR based pair sequences in *Atriplex pratovii* and *Atriplex tatarica* plants. Amplification was performed in a PCR T100TM Thermal Cycler amplifier (BIO-RAD, China) using specific primers.

The genotyping in the plant species *Atriplex pratovii* and *Atriplex tatarica* growing on the dried bottom of the Aral Sea was determined to contain genes *NCED2, NHX2, RBOH, SAPK2, ABI5, POD2, SOC2, CBL10*.

The experiment showed that:

- The genes *NCED2, NHX2, RBOH, SAPK2, ABI5, POD2, SOC2, CBL10* were amplified in the *Atriplex pratovii* genome.

- in *Atriplex tatarica* genome the *NCED2, PYL4, RBOH, NHX2, SAPK2, ABI5, POD2, GR, SOC2, CBL10, PP2C8* genes were amplified.

- *BCH, POD1, CAT, SOS2, CYP707A, PP2C78* genes were not amplified in both plant species genomes.

The results obtained can be used as a primary scientific data to determine the nucleotide sequence, expression level and cloning of *NCED2*, *PYL4*, *RBOH*, *NHX2*, *SAPK2*, *ABI5*, *POD2*, *GR*, *SOC2*, *CBL10*, *PP2C8* genes.

References:

1. Sukhorukov, A.P., Mavrodiev E.V., Struwig M., Nilova M.V., Dzhalilova K.K., Balandin S.A., Erst A., Krinitsyna A.A. (2015). One-seeded fruits in the core Caryophyllales: their origin and structural diversity. *PLoS ONE*. Vol. 10. Issue 2. Pp. 1-38.

2. Munns, R., & Tester, M. (2008). Mechanisms of salinity tolerance. *Annual Review of Plant Biology.* 59. 651-681.

3. *Atriplex pratovii Sukhor* / Sherimbetov S.G. (2019) Tashkent. P. 91.

4. Ohta, M., Hayashi, Y., Nakashima, A., Hamada, A., Tanaka, A., Nakamura, T., & Hayakawa, T. (2002). Introduction of a *Na+/H+ antiporter* gene from *Atriplex gmelini* confers salt tolerance to rice. FEBS Letters, 532(3), 279-282.

5. Zhang, T., He, K.N., & Zhang, Z.Z. (2019). The effects of salt and alkaline stress on the fourwing saltbush (*Atriplex canescens* (pursh) nutt.) stress. Applied *Ecology and Environmental Research, 17*(4), 8583–8598.

6. Qudratova, M., Rafiyeva, F., Turayev, O., Ergashev, U., Umarov, R., Kushanov, F. (2022) IN SILICO analysis of genes and QTL loci related to some valuable economic traits of cotton. *KarDu News*, 52 (2/1), 98-101.

7. Ellern, S. J., Samish, Y. B., & Lachover, D. (1974). Salt and Oxalic Acid Content of Leaves of the Saltbush *Atriplex halimus* in the Northern Negev. *Journal of Range Management,* 27(4). Pp. 267-271.

8. Glenn, E. P., Brown, J.J., & Blumwald, E. (1999). Salt Tolerance and Crop Potential of Halophytes. *Critical Reviews in Plant Sciences.* Vol. 18. Issue 2. Pp. 227-255

9. Mills, D., Robinson, K., & Hodges, T.K. (1985). Sodium and potassium fluxes and compartmentation in roots of *Atriplex* and oat. *Plant Physiology,* 78(3), 500-509.

10. Guo, H., Zhang, L., Cui, Y.N., Wang, S.M., and Bao, A.K. (2019). Identification of candidate genes related to salt tolerance of the secretohalophyte *Atriplex canescens* by transcriptomic analysis. *BMC Plant Biology*. Vol. 19. Issue 1. Pp. 1-17.

Сведения об авторах:

МАТЧАНОВА Дурдона Шапуровна – докторант Института биофизики и биохимии при Национальном университете. E-mail: m_durdona@mail.ru

ҚУДРАТОВА Мухлиса Курбон қизи – докторант Института генетики и экспериментальной биологии растений АН РУз. E-mail: muhlisaqudratova216@gmail.com

ТУРАЕВ Озод Суннаталиевич – PhD, старший научный сотрудник Института генетики и экспериментальной биологии растений АН РУз. E-mail: ozodturaev@gmail.com

КУШАНОВ Фахриддин Неъматуллаевич – доктор биологических наук, профессор, заведующий лабораторией Института генетики и экспериментальной биологии растений АН РУз. E-mail: fakhriddinkushanov@gmail.com