

УДК 577.21:575.22:581.6

<https://doi.org/10.7124/visnyk.utgis.23.1-2.1775>

ДИФЕРЕНЦІЙНА ЕКСПРЕСІЯ ГЕНІВ *LEA* У НУТУ ПІД ЧАС ПОСУХИ

Н. Е. ВОЛКОВА^{1,2}  0000-0002-9333-4872Г. І. СЛІЩУК^{1,2}  0000-0003-4245-8557

¹ Інститут кліматично орієнтованого сільського господарства НААН,
вул. Маяцька дорога, 24, смт Хлібодарське, Одеська область, 67667, Україна

² Одеська державна сільськогосподарська дослідна станція
Інституту кліматично орієнтованого сільського господарства НААН України,
вул. Маяцька дорога, 24, смт Хлібодарське, Одеський р-н, Одеська обл., 67667, Україна
e-mail: geoncrfqq@gmail.com

Мета. Оцінка ролі генів *LEA* у нуту шляхом обчислення диференційної експресії генів *CapLEA-1* та *CapLEA-2* за умов імітованої посухи. **Методи.** Двофакторний дисперсійний аналіз (ANOVA) проведено у середовищі R (версія 4.3.3) для оцінки впливу генотипу та умов вирощування на рівні експресії генів *CapLEA-1* та *CapLEA-2*, а також їхньої взаємодії; для пост-хок порівнянь використувували функцію середньозважене Тьюкі TukeyHSD() з базового пакета stats. Використано 12 транскриптомів із бази GenBank, отриманих із чутливого та стійкого до посухи генотипів нуту в контрольних умовах і за умов імітованої посухи. **Результати.** Встановлено, що рівні експресії генів *CapLEA-1* та *CapLEA-2* змінюються під впливом стресових умов та генотипу, однак ступінь цього впливу відрізняється. Для гена *CapLEA-1* виявлено лише тенденції до впливу генотипу ($p = 0,0940$) та умов вирощування ($p = 0,0639$) без значущої взаємодії, тоді як для гена *CapLEA-2* умови мали достовірний ефект ($p = 0,0444$), а генотип і взаємодія факторів лише наближалися до значущості. **Висновки.** За результатами ANOVA встановлено, що експресія генів *CapLEA-1* і *CapLEA-2* змінюється під впливом стресу та генотипу, однак ступінь цього впливу різний: для гена *CapLEA-1* відзначено лише тенденції без значущої взаємодії, тоді як для гена *CapLEA-2* умови вирощування мали достовірний ефект ($p = 0,0444$). Пост-хок аналіз підтвердив підвищення експресії *CapLEA-2* у стресових умовах, що свідчить про його більш активну роль у стресовій відповіді та можливу функціональну специфічність відносно *CapLEA-1*.

Ключові слова: нут, посухостійкість, гени *LEA*, експресія.

Вступ. Нут (*Cicer arietinum* L.) — бобова культура, що набуває дедалі більшого значення в Україні завдяки відносно низьким витратам на вирощування, стійкості до посухи та потенціалу як для внутрішнього споживання, так і для експорту. Його популярність зростає насамперед у південних і центральних регіонах, таких як Одеська, Миколаївська, Херсонська та Дніпропетровська області, де кліматичні умови є сприятливими (Zhuk et al., 2025). В 2020–2024 роках площа посівів нуту в Україні сягала 15 тис. га, а річний обсяг виробництва — до 30 тис. т (Sots et al., 2024). Вирощування нуту також сприяє екологічній стабільності в Україні, зокрема, за рахунок зниження навантаження азотними добривами та зменшення вуглецевого сліду (Chernik, Tryhuba, 2023).

Селекція з використанням молекулярних маркерів пришвидшує створення сортів, адаптованих до посухи, завдяки ранньому й точному скринінгу, що зменшує тривалість та невизначеність польових випробувань і полегшує поєднання сприятливих алелів з різних джерел (Asati et al., 2022).

Застосування методів молекулярної генетики відіграє значну роль у підвищенні стійкості нуту до посухи, яка є однією з основних причин нестабільності врожаїв і загрози продовольчій безпеці в посушливих регіонах.

Підходи молекулярної генетики дозволяють виявляти гени й локуси кількісних ознак (англ. Quantitative Trait Loci, QTL), пов'язаних з забезпеченням посухостійкості, зокрема, з глибиною кореневої системи та довжиною коренів, ефективністю використання води, стабільністю клітинних мембран, врожайністю за умов стресу. Генотипування за однонуклеотидними поліморфізмами (англ. Single Nucleotide Polymorphism, SNP) високої щільності та дослідження асоціацій на рівні всього геному (англ. Genome-Wide Association Studies, GWAS) дозволили виявити численні генетичні маркери та QTL, пов'язані з важливими ознаками відповіді на посуху, що сприяє селекції з використанням маркерів (Istanbuli et al., 2024).

Секвенування геному нуту дало змогу створити детальні карти зчеплення та локалізувати так звані «горячі точки» («QTL-hot-spot») — специфічні ділянки геному, що містять кластери генів, пов'язаних із посухостійкістю. Наприклад, генотип ICC 4958 містить такі хотспоти, що покращують ріст кореневої системи та адаптацію до посухи; ці ознаки ефективно передаються новим лініям шляхом добору з використанням маркерів (англ. Marker-Assisted Selection, MAS) (Asati et al., 2022).

Мультиомні підходи, що охоплюють транскриптоміку, протеоміку та метаболоміку, розкривають узгоджену регуляцію шляхів, пов'язаних зі стресом (наприклад, гліколіз, метаболізм крохмалю/сахарози, шлях глутатіону) і сприяють ідентифікації генів-кандидатів, транскрипційних факторів і регуляторних модулів, відповідальних за стійкість до посухи (Singh et al., 2023). Такі гени, як ASR, bZIP, DREB, гени, що кодують білки теплового шоку (англ. Heat Shock Proteins, HSP), пізньоємбріональні білки (англ. Late embryogenesis abundant, LEA), відіграють вирішальну роль у молекулярних та клітинних відповідях нуту на посуху, часто слугуючи мішенями для розробки функціональних маркерів (Sachdeva et al., 2020; Yadava et al., 2023; Slishchuk, Volkova, 2025).

LEA-білки захищають клітини від пошкоджень, спричинених дефіцитом води. Ці гідрофільні білки накопичуються в рослинах у відповідь на посуху та інші абіотичні стреси, стабілізуючи клітинні мембрани й макромолекули. Вони також виконують функцію молекулярних шаперонів, зберігаючи активність ензимів і ці-

лісність клітинних структур під час зневоднення (Magwanga et al., 2018).

LEA-білки поділяють на кілька груп залежно від амінокислотної послідовності. Деякі з них, зокрема групи LEA2 та LEA3, активно експресуються за умов посухи й беруть участь у запобіганні інактивації ензимів і відновленні пошкоджень, спричинених стресом. Їх виявляють у різних органах рослин — коренях, стеблах і листках, а рівень експресії часто вищий у посухостійких генотипів (Kamarudin et al., 2019).

Функціонально LEA-білки пов'язані з толерантністю до висихання, регуляцією втрат води через вплив на розвиток та щільність продихів, а також із залученням до сигнальних шляхів, залежних від абсцизової кислоти (англ. *Abscisic acid*, ABA), під час посушливого стресу. Наприклад, деякі LEA-білки впливають на просторове розташування продихів і рівень транспірації, що визначає здатність рослин зберігати воду та реагувати на умови посухи. Надекспресія генів LEA у трансгенних рослинах (наприклад, рису) покращує стійкість до посухи в польових умовах (Lim et al., 2018; López-Cordova et al., 2021).

Метою дослідження слугувала оцінка ролі генів LEA у нуту шляхом обчислення диференційної експресії генів *CapLEA-1* та *CapLEA-2* за умов імітованої посухи.

Матеріали і методи

Для аналізу диференційної експресії генів *CapLEA-1* та *CapLEA-2* використано 12 транскриптомів із бази даних SRA (sequence read archive) GenBank, отриманих із двох генотипів нуту: Desi PI598080 (чутливий до посухи) та Kabuli Flip07-318C (стійкий до посухи) (табл. 1). Обидва генотипи досліджено в контрольних умовах (без обробки) і за умов імітованої посухи (Negussu et al., 2023).

Для аналізу диференційної експресії використано мРНК AJ224518.1| *Cicer arietinum* mRNA for LEA protein (clone *CapLEA-1*) та AJ224519.1| *Cicer arietinum* mRNA for LEA protein (clone *CapLEA-2*). Референтним геном для нормалізації підрахунків слугував ген NM_001365163.1 *Cicer arietinum* elongation factor 1-alpha (*EF1A*). Для побудови індексів мРНК та для вирівнювання з референтним геномом використано програмне забезпечення Bowtie2 (ліцензія не потрібна) (Langmead, Salzberg, 2012).

Таблиця 1. Транскриптоми, використані для дослідження

Транскриптом ID	Генотип	Умови	Транскриптом ID	Генотип	Умови
ERR11526165	Desi PI598080	Контроль	ERR11526171	Kabuli Flip07 318C	Контроль
ERR11526166	Desi PI598080	Контроль	ERR11526172	Kabuli Flip07 318C	Контроль
ERR11526167	Desi PI598080	Контроль	ERR11526173	Kabuli Flip07 318C	Контроль
ERR11526168	Desi PI598080	Посуха	ERR11526174	Kabuli Flip07 318C	Посуха
ERR11526169	Desi PI598080	Посуха	ERR11526175	Kabuli Flip07 318C	Посуха
ERR11526170	Desi PI598080	Посуха	ERR11526176	Kabuli Flip07 318C	Посуха

Двофакторний дисперсійний аналіз (ANOVA) проведено з використанням мови програмування R з метою оцінки статистично значущих відмінностей у рівнях експресії мРНК між різними генотипами та умовами вирощування для двох обраних мішеней — генів *CapLEA-1* та *CapLEA-2*. Аналіз дозволив оцінити основні ефекти факторів «генотип» та «умови», а також їхню взаємодію. Результати вважали статистично значущими при рівні значущості $p < 0,05$.

Всі статистичні обчислення здійснювали у програмному середовищі R (The R Project for Statistical Computing, версія 4.3.3) з використанням базового пакета stats для виконання ANOVA та функції середньозважене Тьюкі TukeyHSD() — для пост-хок порівнянь.

Результати та обговорення

З метою кількісної оцінки впливу генотипу та умов вирощування на рівень експресії генів *CapLEA-1* та *CapLEA-2* застосовано двофакторний дисперсійний аналіз (ANOVA). Додатково проведено пост-хок аналіз за критерієм середньозважене Тьюкі для виявлення парних відмінностей між експериментальними групами.

Аналіз гена *CapLEA-1* показав, що фактор «генотип» мав тенденцію до впливу на експресію ($F(1,8) = 3,609$; $p = 0,0940$), так само як і фактор «умови вирощування» ($F(1,8) = 4,618$; $p = 0,0639$). Взаємодія між генотипом та умовами не була статистично значущою ($F(1,8) = 3,252$; $p = 0,1090$) (табл. 2, рис. 1, 2).

Таблиця 2. Результати ANOVA для гена *CapLEA-1*

Фактор	F-статистичний критерій	Значення p	Рівень значущості
Генотип	3,609	0,0940	На рівні тренда
Умови	4,618	0,0639	На рівні тренда
Взаємодія	3,252	0,1090	Не значущий

Пост-хок аналіз за критерієм середньозважене Тьюкі виявив, що різниця в рівнях експресії між генотипами Kabuli та Desi близька до статистичної значущості ($p = 0,0940$). Порівняння між умовами стрес та контроль також продемонструвало тенденцію до відмінностей ($p = 0,0639$). Найбільша різниця серед комбінацій генотип \times умови спостерігалася між варіантами Kabuli : Stress та Desi : Control та наближалася до рівня статистичної значущості ($p = 0,0807$).

Отримані результати свідчать про наявність тенденцій до диференційної експресії, які можуть стати статистично значущими при збільшенні розміру вибірки або повторенні експерименту.

Аналіз гена *CapLEA-2* показав, що фактор «умови вирощування» мав статистично значущий вплив на рівень експресії ($F(1,8) = 5,676$; $p = 0,0444$). Фактор «генотип» виявив лише тенденцію до впливу ($F(1,8) = 3,267$; $p = 0,1083$), а взаємодія генотип \times умови також продемонструвала наближення до статистичної значущості ($F(1,8) = 3,814$; $p = 0,0866$) (табл. 3, рис. 3, 4).

Пост-хок аналіз за критерієм середньозважене Тьюкі підтвердив, що рівень експресії у рослин за умов стресу був статистично вищим порівняно з контролем ($p = 0,0444$). Відмінності між генотипами Kabuli та Desi не досягли статистичної значущості ($p = 0,1083$), хоча й спостері-

Диференційна експресія генів LEA у нуту під час посухи

галася тенденція. Найбільша різниця серед комбінацій генотип × умови була зафіксована між варіантами Kabuli : Stress та Desi : Control ($p = 0,0701$) та між Kabuli : Stress та Kabuli : Control ($p = 0,0606$), обидві з яких мали тенденцію до статистичної значущості.

Отримані результати свідчать про те, що умови вирощування (стрес проти контролю) мають більш виражений вплив на експресію гена *CapLEA-2*, ніж генотип, при цьому можливий вплив взаємодії факторів вимагає подальшої перевірки.

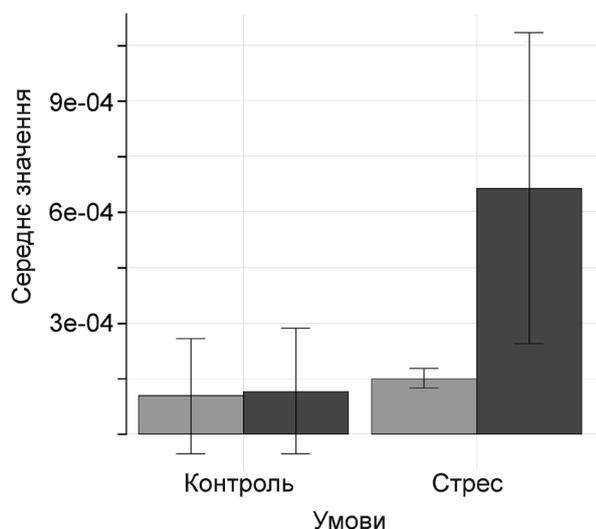


Рис. 1. Порівняння диференційної експресії гена *CapLEA-1* з відображенням довірчих інтервалів. Світло-сірий колір — генотип Desi PI598080, темно-сірий — генотип Kabuli Flip07 318C.

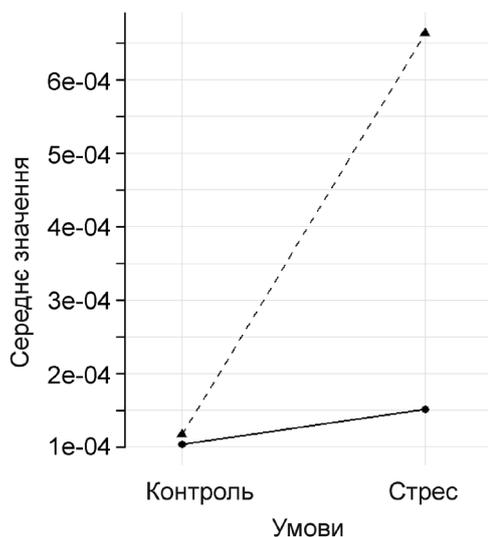


Рис. 2. Графік взаємодії факторів «умови вирощування — генотип» для гена *CapLEA-1*. Кружечки — генотип Desi PI598080, трикутники — генотип Kabuli Flip07 318C.

Отримані результати свідчать про те, що умови вирощування (стрес проти контролю) мають більш виражений вплив на експресію гена

CapLEA-2, ніж генотип, при цьому можливий вплив взаємодії факторів вимагає подальшої перевірки.

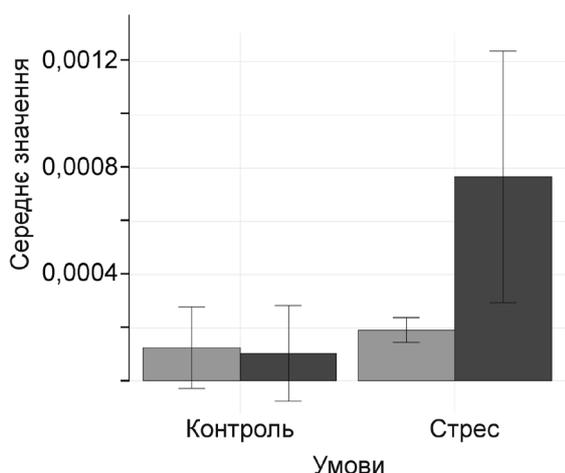


Рис. 3. Порівняння диференційної експресії гена *CapLEA-2* з відображенням довірчих інтервалів. Світло-сірий колір — генотип Desi PI598080, темно-сірий — генотип Kabuli Flip07 318C.

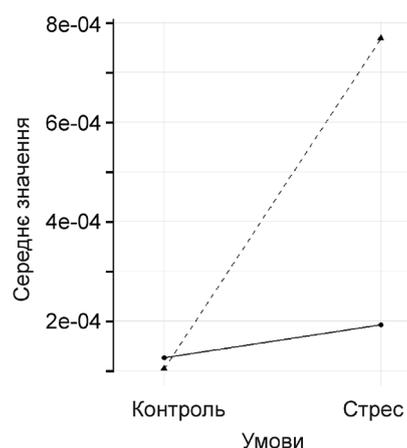


Рис. 4. Графік взаємодії факторів «умови вирощування — генотип» для гена *CapLEA-2*. Кружечки — генотип Desi PI598080, трикутники — генотип Kabuli Flip07 318C.

Таблиця 3. Результати ANOVA для гена *CapLEA-2*

Фактор	F-статистичний критерій	Значення p	Рівень значущості
Генотип	3,267	0,108	На рівні тренда
Умови	5,676	0,044	Статистично значущий (p < 0,05)
Взаємодія	3,814	0,087	Не значущий

Отже, проведений двофакторний дисперсійний аналіз показав, що експресія обох досліджуваних генів *CapLEA-1* та *CapLEA-2* змінюється під впливом стресових умов та генотипу, однак ступінь цього впливу відрізняється. Для гена *CapLEA-1* виявлено тенденції до відмінностей як за фактором «генотип» (p = 0,0940), так і за фактором «умови вирощування» (p = 0,0639), без статистично значущої взаємодії між ними. Для гена *CapLEA-2* умови вирощування мали статистично значущий вплив на рівень експресії (p = 0,0444), тоді як фактор «генотип» та взаємодія факторів продемонстрували лише наближення до рівня значущості.

Результати пост-хок аналізу середньозваженого Тьюкі підтвердили, що для гена *CapLEA-2* стресові умови достовірно підвищують рівень експресії порівняно з контролем, тоді як для гена *CapLEA-1* виявлено лише тенденції до таких змін. Таким чином, ген *CapLEA-2* може відігравати більш активну роль у стресовій відповіді порівняно з *CapLEA-1*, що свідчить про можливі відмінності у функціональній специфічності цих генів. Даний ген є перспективним для подальшого аналізу з метою розробки функціональних маркерів для дослідження посухотолерантності у нуту.

Пост-хок аналіз за критерієм середньозважене Тьюкі не виявив достовірних відмінностей між окремими групами, однак найбільша різниця спостерігалася між варіантами Kabuli : Stress та Desi : Control (p = 0,0807). Отримані результати свідчать про можливий вплив стресових умов та генотипу на експресію гена *CapLEA-1*, що вимагає додаткових досліджень із розширеною вибіркою для підтвердження цих тенденцій.

Слід зазначити, що у інших бобових, зокрема у *Glycine max*, *Medicago truncatula*, *Lotus japonicus*, *Vicia faba*, *Cajanus cajan* відмічено підвищення рівня експресії генів *LEA* під час посухи (Battaglia, Covarrubias, 2013). Так, у *Vicia faba* гени *LEA* є ключовими генами реакції на посуху, рівень їхньої експресії підвищується у різних тканинах, а також відмічено різницю у експресії цих

генів у стійких та нестійких до посухи генотипів (Abid et al., 2015). Також у інших бобових показано наявність у промоторах генів *LEA* елементів, чутливих до абсцизової кислоти (Guo et al., 2023). Дане дослідження є черговим свідченням визначальної ролі генів *LEA* у реакції нуту на посуху, що робить гени *CapLEA-1* та *CapLEA-2* перспективними цілями для подальших досліджень з метою розробки системи молекулярних маркерів, що можна використовувати для селекції нуту на підвищену стійкість до посухи.

Висновки

За результатами двофакторного дисперсійного аналізу встановлено, що експресія генів *CapLEA-1* та *CapLEA-2* змінюється під впливом стресових умов та генотипу. Ступінь цього впливу відрізняється: для гена *CapLEA-1* виявлено лише тенденції до впливу обох факторів без значущої взаємодії, тоді як для гена *CapLEA-2* умови вирощування мали достовірний ефект (p = 0,0444). Пост-хок аналіз підтвердив, що стрес підвищує експресію гена *CapLEA-2*, тоді як для *CapLEA-1* зафіксовано лише наближення до значущості. Це свідчить про більш активну роль гена *CapLEA-2* у стресовій відповіді порівняно з *CapLEA-1* та вказує на можливу функціональну специфічність генів. Результати дослідження мають практичну значущість для подальшої ідентифікації функціональних маркерів і добору толерантних ліній нуту.

Перелік літератури

1. Abid G., Muhovski Y., Mingeot D., Watillon B., Toussaint A., Mergeai G., M'hamdi M., Sassi K., Jebara M. Identification and characterization of drought stress responsive genes in faba bean (*Vicia faba* L.) by suppression subtractive hybridization. *Plant Cell, Tissue and Organ Culture (PCTOC)*. 2015. Vol. 121. P. 367–379. doi: 10.1007/s11240-014-0707-x.
2. Asati R., Tripathi M., Tiwari S. et al. Molecular breeding and drought tolerance in chickpea. *Life*. 2022. Vol. 12 (11). P. 1846. doi: 10.3390/life12111846.
3. Battaglia M., Covarrubias A. Late Embryogenesis Abundant (LEA) proteins in legumes. *Front Plant Sci*, 2013. Vol. 4: Article 190. doi: 10.3389/fpls.2013.00190.
4. Chernik I., Tryhuba O. Sustainable development through the prism of russia's military aggression against Ukraine. *Sci. Issue Ternopil Volodymyr Hnatiuk National Pedagogical*

- University. Series: Biology. 2023. Vol. 83 (3–4). P. 117–126. doi: 10.25128/2078-2357.23.3-4.13.
5. Guo B., Zhang J., Yang C., Dong L., Ye H., Valliyodan B., Nguyen H., Song L. The late embryogenesis abundant proteins in soybean: identification, expression analysis, and the roles of GmLEA4_19 in drought stress. *International Journal of Molecular Sciences*. 2023. Vol. 24 (19). 14834. doi: 10.3390/ijms241914834.
 6. Istanbuli T., Nassar A., Abd El-Maksoud M. et al. Genome-wide association study reveals SNP markers controlling drought tolerance and related agronomic traits in chickpea across multiple environments. *Front Plant Sci*. 2024. Vol. 8 (15):1260690. doi: 10.3389/fpls.2024.1260690.
 7. Kamarudin Z., Yusop M., Ismail M. et al. LEA gene expression assessment in advanced mutant rice genotypes under drought stress. *Int. J. Genomics*. 2019. Vol. 27: 8406036. doi: 10.1155/2019/8406036.
 8. Langmead B., Salzberg S. Fast gapped-read alignment with Bowtie 2. *Nature Methods*. 2012. Vol. 9 (4). P. 357–359. doi: 10.1038/nmeth.1923.
 9. Lim J., Lim C., Lee S. The Pepper Late Embryogenesis Abundant Protein, CaDIL1, positively regulates drought tolerance and ABA signaling. *Front Plant Sci*. 2018. Vol. 4 (9): 1301. doi: 10.3389/fpls.2018.01301.
 10. López-Cordova A., Ramírez-Medina H., Silva-Martinez G. et al. LEA13 and LEA30 are involved in tolerance to water stress and stomata density in *Arabidopsis thaliana*. *Plants*. 2021. Vol. 10 (8): 1694. doi: 10.3390/plants10081694.
 11. Magwanga R., Lu P., Kirungu J. et al. Characterization of the late embryogenesis abundant (LEA) proteins family and their role in drought stress tolerance in upland cotton. *BMC Genet*. 2018. Vol. 19. P. 6–12. doi: 10.1186/s12863-017-0596-1.
 12. Negussu M., Karalija E., Vergata C. et al. Drought tolerance mechanisms in chickpea (*Cicer arietinum* L.) investigated by physiological and transcriptomic analysis. *Env. Exp. Bot*. 2023. Vol. 215: 105488. doi: 10.1016/j.envexpbot.2023.105488.
 13. R Core Team. R: a language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna. <https://www.R-project.org>.
 14. Sachdeva S., Bharadwaj C., Singh R. et al. Characterization of ASR gene and its role in drought tolerance in chickpea (*Cicer arietinum* L.). *PLoS One*. 2020. Vol. 14, N 15 (7): e0234550. doi: 10.1371/journal.pone.0234550.
 15. Singh V., Gupta K., Singh S. et al. Unravelling the molecular mechanism underlying drought stress response in chickpea via integrated multi-omics analysis. *Front Plant Sci*. 2023. Vol. 23 (14). P. 1156606. doi: 10.3389/fpls.2023.1156606.
 16. Slishchuk H., Volkova N. Molecular mechanisms of chickpea responses to drought stress (minireview). *Biopolymers and Cell*. 2025. Vol. 41 (1). P. 13–22. doi: 10.7124/bc.000B0C.
 17. Sots S., Kustov I., Voloshenko O., Butsenko I. Chickpea: A promising legume crop for the grain industry. *Sci Works*. 2024. Vol. 88 (2). P. 40–51. doi: 10.15673/swonaft.v88i2.3033.
 18. Yadava Y., Chaudhary P., Yadav S. et al. Genetic mapping of quantitative trait loci associated with drought tolerance in chickpea (*Cicer arietinum* L.). *Sci Rep*. 2023. Vol. 13: 17623. doi: 10.1038/s41598-023-44990-y.
 19. Zhuk M., Rudenko V., Khodjibekov S. Peculiarities of chickpea growing technology in the Steppe zone of Ukraine. *BIO Web Conf*. 2025. Vol. 151, 01011. 6 p. doi: 10.1051/bioconf/202515101011.

Стаття надійшла до редакції 2.09.2025
прийнята до друку 30.09.2025

DIFFERENTIAL EXPRESSION OF LEA GENES IN CHICKPEA DURING DROUGHT

N. E. Volkova^{1,2}, H. I. Slishchuk^{1,2}

¹Institute of Climate-Smart Agriculture of the NAAS of Ukraine, 24 Maiatska doroha St., Hlibodarske village, Odesa district, Odesa region, 67667, Ukraine

²Odesa State Agricultural Experimental Station of Institute of Climate-Smart Agriculture of the NAAS of Ukraine, 24 Maiatska doroha St., Hlibodarske village, Odesa district, Odesa region, 67667, Ukraine

Aims. To assess the role of LEA genes in chickpea by calculating the differential expression of the *CapLEA-1* and *CapLEA-2* genes under simulated drought conditions.

Methods. A two-way analysis of variance (ANOVA) was conducted in R (version 4.3.3) to evaluate the effects of genotype and growth conditions on the expression levels of *CapLEA-1* and *CapLEA-2*, as well as their interaction; for post-hoc comparisons, the TukeyHSD() function from the base stats package was used. Twelve transcriptomes from the GenBank database were used, obtained from drought-sensitive and drought-resistant chickpea genotypes under control and simulated drought conditions. **Results.** The expression levels of *CapLEA-1* and *CapLEA-2* were found to be affected by stress conditions and genotype, though the degree of influence differed. For *CapLEA-1*, only trends towards genotype ($p = 0,0940$) and growth condition ($p = 0,0639$) effects were observed without significant interaction, whereas for *CapLEA-2*, growth conditions had a significant effect ($p = 0,0444$), while genotype and factor interaction only approached significance. **Conclusions.** ANOVA results indicated that the expression of *CapLEA-1* and *CapLEA-2* is influenced by stress and genotype, but to different extents: for *CapLEA-1*, only tendencies without significant interaction were noted, while for *CapLEA-2*, growth conditions had a significant effect ($p = 0,0444$). Post-hoc analysis confirmed increased expression of *CapLEA-2* under stress conditions, suggesting its more active role in stress response and potential functional specificity relative to *CapLEA-1*.

Keywords: chickpea, drought tolerance, LEA genes, expression.