

Сравнение транскриптомов двух генотипов растений *Solanum phureja* с контрастной устойчивостью к золотистой картофельной нематоде (*Globodera rostochiensis*)

А.А. Егорова*, Н.А. Шмаков, С.В. Герасимова, Г.В. Васильев, Н.В. Шацкая, К.В. Стрыгина, Д.А. Афонников, А.В. Кочетов

ФИЦ Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия

* e-mail: egorova@bionet.nsc.ru

Золотистая картофельная нематода (ЗКН) является паразитом корневой системы картофеля и некоторых других видов пасленовых. Нематоды образуют на корнях растений цисты, в которых развиваются их яйца. Больные растения характеризуются угнетенным ростом, преждевременным старением, почти не образуют клубни. Химические методы защиты являются неэффективными. Поэтому исследование генетических механизмов устойчивости картофеля к ЗКН является актуальной задачей.

В данной работе был проведен транскриптомный анализ двух образцов одного из подвидов картофеля – *Solanum phureja*, которые характеризуются контрастной устойчивостью к ЗКН. Один из них является чувствительным к нематоде, а другой высокоустойчивым, но в то же время не несет уже известных маркеров устойчивости. Мы предполагаем, что транскриптомный анализ этих двух генотипов позволит выявить гены, участвующие в механизме защитного ответа против ЗКН.

Цель: Исследовать механизмы устойчивости растений *Solanum phureja* к золотистой картофельной нематоде *Globodera rostochiensis*.

Для транскриптомного анализа было решено взять образцы зараженных корней после 24 и 72 часов инокуляции, так как между этими временными точками наблюдается активное развитие гиперчувствительного ответа. Образцы были приготовлены нашими коллегами из ВИР и ВИЗР согласно [1]. Были подготовлены образцы корней с трех растений каждого генотипа до заражения нематодой и после инокуляции с ней в течение 24 и 72 часов. Из них была выделена тотальная РНК и проведено секвенирование транскриптома на приборе Illumina NextSeq 500. Для оценки качества данных использовалась программа FastQC, фильтрация проводилась с помощью PrinSeq, картирование библиотек – с помощью STAR и TopHat, выявление дифференциально экспрессирующихся генов (ДЭГ) – с помощью EdgeR и DESeq. Попарное сравнение транскриптомов исследуемых образцов выявило группы ДЭГ. Проводится анализ ДЭГ на предмет наличия функциональных взаимосвязей, выделение потенциальных генов устойчивости к ЗКН и реконструирование генных сетей.

Благодарности: Работа выполнена при финансовой поддержке гранта РФФ № 16-16-04073.

Список литературы

1. Kochetov A.V. et al. (2017) Differential expression of NBS-LRR-encoding genes in the root transcriptomes of two *Solanum phureja* genotypes with contrasting resistance to *Globodera rostochiensis*. BMC Plant Biol. 17(Suppl 2):251.