

## **Анализ транскриптов, специфичных для линии картофеля, устойчивой к золотистой картофельной нематоде, из данных RNA-seq**

Н.А. Шмаков\*, Д.А. Афонников, А.В. Кочетов

ФИЦ Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия

\* e-mail: [shmakov@bionet.nsc.ru](mailto:shmakov@bionet.nsc.ru)

Нематода *Globodera rostochiensis* – вредитель, поражающий корни картофеля, от которого страдает большая часть посадок картофеля, в том числе на территории Российской Федерации. Некоторые сорта картофеля обладают повышенной устойчивостью к данному паразиту. Поиск отдельных генов, обуславливающих такую резистентность, – важный шаг в создании новых сельскохозяйственных сортов при помощи маркер-ориентированной селекции. Подходящим инструментом для такого обнаружения генов является RNA-seq.

В данном эксперименте РНК была выделена из корней картофеля, инокулированного нематодой *G. rostochiensis*, двух линий – устойчивой и контрольной, на разных временных стадиях. Секвенирование проводилось на платформе Illumina NextSeq 2500. В результате было получено 30 библиотек коротких парных ридов, на основе которых проведена сборка транскриптома.

В полученных сборках был проведен анализ покрытия транскриптов короткими ридами библиотек и выявлены транскрипты, показывающие изменение уровней экспрессии между двумя линиями в разных временных точках. Также были обнаружены транскрипты, встречающиеся исключительно в устойчивой линии. Был проведен функциональный анализ транскриптов путем предсказания доменов и характерных мотивов. Были выделены транскрипты с предсказанной функциональной связью с устойчивостью к поражению паразитами, в том числе предсказаны NB-LRR гены, составляющие самое большое в наземных растениях семейство генов устойчивости к патогенам и паразитам.

Верификация наличия предсказанных транскриптов и изменения уровней экспрессии проводилась при помощи количественной полимеразной цепной реакции в реальном времени.

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