

МОБИЛОМ РАСТЕНИЙ: ЕСТЕСТВЕННЫЙ РЕСУРС ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ ТОМАТА

**Меркулов Павел Юрьевич, Константинов Захар Сергеевич, Власова Анастасия
Валерьевна, Киров Илья Владимирович**

*Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Всероссийский
научно-исследовательский институт сельскохозяйственной биотехнологии», Россия,
Москва.*

paulmerkulov97@gmail.com

Мобильные элементы (транспозоны) представляют одну из движущих сил эволюции многих видов растений. Изменения, опосредованные данными элементами, могут происходить как на генетическом, так и эпигенетическом уровнях. Многочисленными филогенетическими исследованиями продемонстрирован вклад мобильных элементов в появление новых признаков как в рамках одного вида, так и при сравнении эволюционно отдалённых растений. Несмотря на многообразие мобильных элементов и зачастую значительный размер занимаемого ими пространства в геноме, сравнительно немногие элементы к настоящему времени сохранили способность к транспозиции, формируя так называемый мобилом растительной клетки. Из-за действия многоуровневой системы сайленсинга мобильных элементов, наследование и закрепление новых инсерций в естественных популяциях являются достаточно редкими событиями. Это создаёт дополнительные трудности в оценке мобилома и делает тему динамики формирования мобилома растений малоизученной.

С целью изучения мобилома томата, было проведено полногеномное нанопоровое секвенирование генома селекционной линии с последующей аннотацией мобильных элементов. С помощью разработанной нами программы panotei были идентифицированы и изучены нереперенсные инсерции мобильных элементов. Используя данные нанопорового секвенирования, были определены паттерны метилирования разных семейств мобильных элементов и показана связь метилирования транспозонов и их активности. Для аннотации активного мобилома томата была проведена принудительная активация потенциально активных транспозонов и получение растений с новыми инсерциями транспозонов. В результате была показана и подтверждена с помощью qPCR активность нескольких мобильных элементов генома томата, включая элемент Rider. Полученные растения томата будут использованы в дальнейшем для изучения влияния инсерций транспозонов на эпигенетические, транскриптомные и фенотипические изменения.

Работа поддержана грантом Президента Российской Федерации (грант МК-47.2022.5).

Ключевые слова: Мобилом, мобильные элементы, транспозоны, ретротранспозоны, нанопоровое секвенирование

PLANT MOBILOME: A NATURAL RESOURCE OF TOMATO GENETIC DIVERSITY

**Merkulov Pavel Yurievich, Konstantinov Zakhar Sergeevich, Vlasova Anastasia
Valerievna, Kirov Ilya Vladimirovich**

All-Russian Research Institute of Agricultural Biotechnology, Russia, Moscow.

paulmerkulov97@gmail.com

Mobile elements (transposons) are one of the driving forces behind the evolution of many plant species. Changes mediated by these elements can occur both at the genetic and epigenetic levels. Numerous phylogenetic studies have demonstrated the contribution of transposable elements to the emergence of new traits both within the same species and when comparing evolutionarily distant plants. Despite the diversity of mobile elements and the large fraction they occupy in many plant genomes, relatively few elements have retained the ability to transpose to date, forming the so-called plant cell mobilome. Due to the action of a multilevel system of silence of mobile elements, the inheritance of new insertions in natural populations rarely occurs. This creates additional difficulties in assessing the mobilome and makes the topic of the dynamics of plant mobilome formation poorly studied.

To study the tomato mobilome, whole genome nanopore sequencing of the genome of the breeding line was carried out, followed by annotation of mobile elements. Using the nanotei tool developed by us, non-reference insertions of mobile elements were identified and studied. Using nanopore sequencing data, methylation patterns of different families of transposable elements were determined and the relationship between transposon methylation and their activity was shown. For the annotation of the active tomato mobilome, forced activation of potentially active transposons was carried out and plants with new insertions of transposons were obtained. As a result, the activity of several transposable elements of the tomato genome, including the Rider element, was shown and confirmed by qPCR. The resulting tomato plants will be further used to study the effect of transposon insertions on epigenetic, transcriptomic, and phenotypic changes.

This research was funded by a grant from the President of the Russian Federation grant number MK-47.2022.5.

Keywords: Mobilome, mobile elements, transposons, retrotransposons, nanopore sequencing