

Анализ геномов органелл *Solanum hjertingii*

А.Ю. Некрашевич*, Е.В. Шруб, Е.А. Николайчик

Белорусский государственный университет, Минск, Республика Беларусь

* andrey.nekrashevich10@gmail.com

Цель: Аннотация цитоплазматического генома, анализ филогенетических взаимоотношений *Solanum hjertingii*.

Материалы и методы: Секвенирование ДНК из клубней *Solanum hjertingii* проведено по технологии NGS, для отбора митохондриальных прочтений все чтения картировали на референсные последовательности митогенома *S. tuberosum* cv. *Désirée* (MN104801, MN104802 и MN104803) с помощью Minimap2 (v2.28), а картированные чтения извлекали в формате BAM с помощью SAMtools. Отобранные чтения использовали для сборки *de novo* с помощью Flye (v2.9.5). Окончательная сборка получена ручным объединением и удалением контигов с использованием Bandage. Аннотация генома проведена с помощью PMGA (v 1.0). Микросателлитные повторы аннотировали с использованием MISA (v2.1). Диспергированные повторы с прямой и палиндромной связью аннотировали с помощью Vmatch (v2.3.0). Тандемные повторы аннотировали с использованием TRF (v4.09.1). Всего 13 ортологичных митохондриальных генов среди 20 видов извлекали и объединяли с помощью PhyloSuite (v1.2.3). Последовательности выравнивали с использованием MAFFT (v7.505), затем эти выровненные последовательности были обрезаны вручную и использованы для построения филогенетических деревьев. Филограмма была построена с использованием MrBayes (v3.2.7.) на основании модели GTR+I+G. Для отбора пластидных прочтений все чтения сопоставляли с референсными последовательностями пластидного генома *S. hjertingii* (MK690623) с помощью Minimap2 (v2.28). Дальнейшую сборку проводили аналогично митохондриальной. Аннотация пластидного генома проведена с использованием CPGAVAS2 (v2.0). Аннотация повторов проводилась аналогично митохондриальной. Всего 18 ортологичных пластидных генов среди 20 видов извлекались, объединялись и выравнивались аналогично митохондриальной. Затем была построена филограмма с использованием MrBayes (v3.2.7.) на основании модели GTR+I+G.

Результаты: Получена сборка митохондриального генома *S. hjertingii*, состоящего из 3 хромосом общей длиной 456060 пар нуклеотидов, аннотирован 81 ген, а именно: 41 уникальный белок-кодирующий ген, 9 копий белок-кодирующих генов, 24 гена тРНК, из них 20 – уникальные и 7 генов рРНК, из них – 5 уникальные. Аннотированы повторы митохондриального генома, идентифицированы тандемные, прямые диспергированные и палиндромные диспергированные повторы, а также микросателлитные повторы. Микросателлиты представлены моно-, ди- и тримерными повторами; тетрамерные и пентамерные – отсутствуют. Обнаружено 128 прямых диспергированных и 122 палиндромных диспергированных повторов. Согласно проведенному филогенетическому анализу на основании полученной в ходе аннотации группы генов митохондрий филогенетически ближайшими видами для *S. hjertingii* являются *Solanum juzepczukii*, *Solanum chacoense* и *Solanum okadae*. Получена сборка пластидного генома *S. hjertingii*, состоящая из одной хромосомы общей длиной 155 451 пара нуклеотидов, аннотировано 84 белок-кодирующих гена, 8 генов, кодирующих рРНК. Филограмма, построенная на основании группы пластидных генов, показала *S. juzepczukii* и *Solanum ahanhuii* в качестве филогенетически ближайших видов.

Выводы: Получена полная сборка и аннотация геномов органелл *S. hjertingii*, филогенетически ближайшими видами по материнской линии на основании этих сборок, для *S. hjertingii* являются *S. juzepczukii*, *S. ahanhuii*, *S. chacoense* и *S. okadae*. Ввиду близкой связи с *S. juzepczukii* установленной для двух сборок органелл данный вид, вероятно, является наиболее филогенетически близким по материнской линии из исследованных. Аллотетраплоидная природа данного вида осложняет филогенетический анализ и для определения точного происхождения данного вида требуется проведение полногеномного секвенирования и анализ последовательностей ядерного генома.

Финансирование: Исследование поддержано грантами Министерства образования РБ № 20241129 и БРФФИ № Б24М-035.