

Реконструкция генома и транскриптома полиплоидного картофеля *Solanum tuberosum* L.

Н.А. Шмаков^{1,2*}, Д.А. Афонников^{1,2}

¹ Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук, Новосибирск, Россия

² Новосибирский национальный исследовательский государственный университет, Новосибирск, Россия

* shmakov@bionet.nsc.ru

Цель: Картофель *Solanum tuberosum* – одно из важнейших сельскохозяйственных растений в мире. Картофель является автотетраплоидом, и отличается высокой гетерозиготностью. Для работы с геномными и транскриптомными данными этого растения был создан двойной моноплоид *S. tuberosum* group *phureja*. Однако его геном не отражает все разнообразие генетического материала многочисленных сортов картофеля, используемых в сельском хозяйстве, в том числе в России. В то же время исследование геномов российских сортов картофеля – актуальная задача для отечественной генетики, так как это позволит выделять гены и полиморфизмы, связанные с сельскохозяйственно важными признаками для создания новых сортов. Это позволит создавать новые сорта с более выгодными для сельского хозяйства и пищевой промышленности свойствами. В данной работе проведено исследование зависимости качества определения последовательностей генов от глубины секвенирования при использовании библиотек коротких прочтений, полученных на платформах для секвенирования нового поколения.

Материалы и методы: В работе были использованы последовательности генома, транскриптома и протеома картофеля сортов картофеля, отличающихся разной плоидностью. Также исходные библиотеки секвенирования геномов различных сортов картофеля, представленные в публичном доступе в базах данных SpudDB, NCBI SRA. Выравнивание проводилось как для полноразмерных библиотек, так и для подвыборок, имитирующих пониженную глубину секвенирования. Проведен поиск ортологов между аминокислотными последовательностями белков разных сортов картофеля с помощью программного обеспечения OrthoFinder. Также, было проведено выравнивание полногеномных последовательностей с помощью программ Gmap, Minimap и Nucmer. Для установления синтении использовались программы MCScan и GENESPACE.

Результаты: Определены ортологи между генами двойного моноплоида, диплоидного и тетраплоидного картофеля. На основании полученной ортологии и полногеномного выравнивания построена синтения между хромосомами сортов картофеля с разной плоидностью. По результатам картирования прочтений геномных библиотек были определены полиморфизмы между ортологичными генами у разных сортов картофеля, в том числе в белок-кодирующих участках генов, и восстановлены последовательности генов, относящиеся к разным генотипам картофеля. Проведена оценка качества определения полученных полиморфизмов, и перспективы определения последовательностей генов на основании картирования библиотек коротких прочтений на геном референсного сорта.

Выводы: Полученные результаты помогают установить глубину секвенирования, достаточную для определения последовательностей на основании картирования библиотек коротких прочтений на референсный геном.

Финансирование: Работа выполнена при поддержке бюджетного проекта № FWNR-2022-0020.