

Поиск генетических маркеров, ассоциированных со снижением устойчивости риса к *Rhizoctonia solani* при избытке азотных удобрений, на основе реконструкции и анализа генных сетей

А.В. Адамовская^{1*}, Е.А. Антропова¹, А.Р. Волянская¹, П.С. Деменков^{1,2}, И.В. Яцык¹, Т.В. Иванисенко^{1,2}, Ю.Л. Орлов^{1,3,4}, Н. Chao⁵, М. Chen⁵, В.А. Иванисенко^{1,2}

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

² Новосибирский национальный исследовательский государственный университет, Новосибирск, Россия

³ Аграрно-технологический институт Российского университета дружбы народов, Москва, Россия

⁴ Центр цифрового здоровья, Первый МГМУ им. И.М. Сеченова Минздрава России, Москва, Россия

⁵ Department of Bioinformatics, College of Life Sciences, Zhejiang University, Hangzhou, China

* AdamovskayaAV@bionet.nsc.ru

Цель: Рис – одна из самых хозяйственно ценных культур, составляющая основную часть рациона питания около половины мирового населения. Азотные удобрения, повышающие урожайность риса, при избытке могут снижать устойчивость растений к заболеваниям, в частности к ризиктониозу, вызываемому *Rhizoctonia solani*. Этот патоген способен уничтожить до 50% урожая, однако механизмы, лежащие в основе снижения устойчивости при избытке азота, остаются малоизученными. В связи с этим особое значение приобретает поиск потенциальных генов-маркеров для повышения устойчивости риса к *Rhizoctonia solani* в условиях избытка азота.

Материалы и методы: В работе был применен комплексный биоинформатический подход, включающий анализ дифференциальной экспрессии генов, реконструкцию генных сетей с использованием базы знаний «Smart Crop» программно-информационной системы ANDSystem, структурно-функциональный анализ полученных сетей, анализ перепредставленности биологических процессов, филогенетический анализ и анализ коэкспрессии некодирующих РНК.

Результаты: Идентифицированы гены, дифференциально экспрессирующиеся при инфицировании риса *R. solani*, а также гены, дифференциальная экспрессия которых наблюдалась в условиях избытка азота. Реконструкция и анализ молекулярно-генетических сетей с участием идентифицированных генов выявили три потенциальных механизма, объясняющих снижение устойчивости риса к *R. solani* при избытке азота: OsGSK2-опосредованный путь, SOG1-Rad51-PR1/PR2 путь и путь OsMYB44-OsWRKY6-OsPR1. Реконструкция расширенной генной сети позволила установить потенциальные маркеры для селекции, направленной на повышение устойчивости к патогенам, главным образом к *R. solani*, в условиях избытка азота. Среди маркеров были найдены гены, контролирующие ответ риса на широкий круг стрессов (7 генов) и гены-модуляторы иммунной системы (11 генов). Анализ некодирующих РНК выявил 30 микроРНК, мишенями которых являются гены из реконструированной генной сети. Для выявленных микроРНК были найдены длинные некодирующие РНК с наибольшим индексом коэкспрессии.

Выводы: Проведенное исследование позволило предположить механизмы, объясняющие ухудшение устойчивости риса к грибку *R. solani* на фоне повышенных концентраций азотных удобрений. Полученные результаты создают теоретическую основу для экспериментальных работ по созданию новых сортов риса с повышенной устойчивостью к патогенам в условиях избытка азотных удобрений.

Финансирование: Исследование поддержано грантом РФ № 23-44-00030.