

Сравнение транскриптомов двух генотипов растений *Solanum phureja* с контрастной устойчивостью к золотистой картофельной нематоде (*Globodera rostochiensis*)

Научный руководитель – Герасимова Софья Викторовна

Егорова Анастасия Александровна

Студент (магистр)

Новосибирский государственный университет, Факультет естественных наук,
Новосибирск, Россия

E-mail: sealin-nsk2@yandex.ru

Золотистая картофельная нематода (ЗКН) является паразитом корневой системы картофеля и некоторых других видов пасленовых. Нематоды образуют на корнях растений цисты, в которых развиваются их яйца. Больные растения характеризуются угнетенным ростом, преждевременным старением, почти не образуют клубни. Химические методы защиты являются неэффективными. Поэтому исследование генетических механизмов устойчивости картофеля к ЗКН является актуальной задачей.

В данной работе был проведен транскриптомный анализ двух образцов одного из подвидов картофеля - *Solanum phureja*, которые характеризуются контрастной устойчивостью к ЗКН. Один из них является чувствительным к нематоде, а другой высоко устойчивым, но в то же время не несет уже известных маркеров устойчивости. Мы предполагаем, что транскриптомный анализ этих двух генотипов позволит выявить гены, участвующие в механизме защитного ответа против ЗКН.

Цель: Исследовать механизмы устойчивости растений *Solanum phureja* к золотистой картофельной нематоде *Globodera rostochiensis*.

Для выбора нужных точек отбора материала был проведен анализ физиологического ответа на заражение нематодой у устойчивого генотипа. После 24 часов инокуляции наблюдалось появление омертвевших клеток около головы личинки, а после 72 гиперчувствительный ответ уже был вокруг всего ее тела. Для транскриптомного анализа было решено взять образцы зараженных корней после 24х часов и 72х часов инокуляции, так как между этими временными точками наблюдается активное развитие гиперчувствительного ответа. Были подготовлены образцы корней с трех растений каждого генотипа до заражения нематодой и после инокуляции с ней в течение 24 и 72 часов. Из них была выделена тотальная РНК и проведено секвенирование транскриптома на приборе Illumina NextSeq 500. Для оценки качества данных использовалась программа FastQC, фильтрация проводилась с помощью PrinSeq, картирование библиотек с помощью STAR и TopHat, и выявление дифференциально экспрессирующихся генов (ДЭГ) с помощью Cufflinks. Парное сравнение транскриптомов исследуемых образцов выявило группы ДЭГ. Проводится анализ ДЭГ на предмет наличия функциональных взаимосвязей, выделение потенциальных генов устойчивости к ЗКН и реконструирование генных сетей.