

## Реконструкция и изучение пангенома *Solanum tuberosum*

Научный руководитель – Афонников Дмитрий Аркадьевич

*Каретников Дмитрий Игоревич*

*Студент (магистр)*

Новосибирский государственный университет, Механико-математический факультет,  
Новосибирск, Россия

*E-mail: karetnikovmit@gmail.com*

Информация о полном наборе генов на уровне таксона, называемая пангеномом, позволяет выделить консервативные гены, являющиеся общими для всех представителей таксона, и уникальные гены, которые являются специфичными для определенного представителя. Изучение генов целого пангенома растений открывает новые возможности для селекции и изучения эволюции, а также позволяет выявить гены, предположительно являющиеся важными для адаптации растений к внешней среде и устойчивости к заболеваниям.

В нашем исследовании изучаемым организмом является картофель (*Solanum tuberosum* L.) - важная мировая сельскохозяйственная культура, количество сортов которой насчитывается более 4000.

Нами были создан вычислительный конвейер, который позволяет реконструировать и аннотировать пангеном *S. tuberosum*. Посредством данного конвейера было получено по две сборки для 15 генотипов картофеля из сибирской коллекции: *de novo* сборка до суперскаффолдов с использованием референсного генома и сборка экзона с учетом фазирования последовательностей гомеологичных хромосом. Полученные сборки были маскированы, после чего проводилась аннотация. Анализ предсказанных генов во всех геномах *S. tuberosum* позволил выделить консервативные и уникальные гены пангенома.

Работа выполнена за счет финансирования Курчатовского геномного центра Федерального исследовательского центра ИЦиГ СО РАН, соглашение с Министерством образования и науки РФ № 075-15-2019-1662. Вычисления проводились с использованием ресурсов ЦКП «Биоинформатика».