

## Разнообразие штаммов/вариантов Y вируса картофеля (YVK) на растениях картофеля в Московской и Астраханской областях Российской Федерации

Научный руководитель – Калинина Наталья Олеговна

*Кузнецова М.К.<sup>1</sup>, Самарская В.О.<sup>2</sup>*

1 - Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Факультет биоинженерии и биоинформатики, Москва, Россия, *E-mail: mariasha.k.1012@gmail.com*; 2 - Институт биорганической химии им. акад. М.М. Шемякина и Ю.А. Овчинникова РАН, Москва, Россия, *E-mail: viktoriya.samarskaya2012@yandex.ru*

Y-вирус картофеля (YVK/PVY) является одним из наиболее опасных и экономически значимых вирусных патогенов картофеля. В природе вирус передается механически через тлей и вегетативно через клубни картофеля<sup>[1]</sup>. Способность вируса сохраняться в клубнях приводит к увеличению вирусной нагрузки в течение нескольких вегетаций картофеля.

Для создания средств защиты картофеля нового поколения, основанных на применении РНК-технологий, важно оценить распространенность различных штаммов YVK в регионах РФ и изучить особенности изменчивости генома вируса в различных условиях произрастания.

Мы провели глубокое секвенирование транскриптомов (РНК-Seq) картофеля двух сортов (Индиго и ЛаСтрада), выращенных из оздоровленного посадочного материала (миклубней) в контрастных по климатическим условиям областях - Московской и Астраханской. Проводили анализ полевых листовых проб, собранных летом 2021 г., и клубневых проб, полученных при проращивании клубней этих растений в лабораторных условиях.

В результате при анализе 32 полученных библиотек было собрано 73 полноразмерных контига YVK. Для проведения филогенетического анализа полученные контиги сравнивали с данными последовательностей YVK из GenBank. С помощью алгоритма CUSTALW было получено множественное выравнивание из 225 последовательностей, на основе которого методом максимального правдоподобия было построено филогенетическое дерево с поддержкой bootstrap. Расположение ветвей и bootstrap поддержка узлов в филогенетическом дереве позволили оценить распространение штаммов YVK в изученных регионах и возможные пути переноса вируса от растения к растению.

Результаты филогенетического анализа свидетельствуют о том, что в изученных регионах обнаружены следующие штаммы YVK: N:O, N-Wi, 261-4, NTNa, NTNb, SYR-I, SYR-II и SYR-III. Штаммов EU-N, NA-N, O5, C, NE-11, EU-N обнаружено не было. Кроме того, показано, что разнообразие вариантов YVK в Астраханской области значительно выше, чем в Московской, что может объясняться более высоким уровнем заражения тлями и циркуляцией большего разнообразия вариантов YVK в диких и культивируемых растениях-резервуарах в Астраханской области в связи с более мягким климатом (теплыми зимами).

Анализ показал, что разнообразие штаммов YVK в клубневых пробах выше по сравнению с листовыми пробами, собранными с родительских растений. Особенно ярко это выражено для сорта Индиго из Астраханской области. Это наблюдение можно объяснить тем, что некоторые варианты YVK могли быть дополнительно перенесены на растения векторами (тлями) уже после отбора листовых проб или лучше переноситься через клубни чем мажорные варианты, выявленные в листьях. Выяснение этих возможностей требует дальнейших исследований.

Работа выполнена при финансовой поддержке РФФИ (проект № 23-74-30003) «Генетические РНК-технологии: новый ресурс для развития биологии и биотехнологии растений».

**Источники и литература**

- 1) Kelsie J. Green et al. Phylogenetic study of recombinant strains of Potato virus Y// Virology, 2017 Jul. 507. P. 40-52.