

Сборка de novo геномов Y-вируса картофеля на основе данных RNA-Seq листового и клубневого материала картофеля из Московской и Астраханской областей России

Научный руководитель – Калинина Наталья Олеговна

Грызунов Н.С.¹, Спеченкова Н.А.²

1 - Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Факультет биоинженерии и биоинформатики, Москва, Россия, *E-mail: NikGR1@yandex.ru*; 2 - Институт биоорганической химии им. академиков М.М. Шемякина и Ю.А. Овчинникова РАН, Москва, Россия, *E-mail: solanum@ibch.ru*

Y вирус картофеля (YVK) является распространенным и экономически значимым патогеном картофеля, способным критически снижать его урожайность. Геном YVK эволюционирует путем накопления мутаций и за счет рекомбинации между штаммами, что характерно для РНК-содержащих вирусов и позволяет YVK быстро адаптироваться к новым сортам картофеля в различных условиях. Вирус передается с помощью большого числа видов тлей и вегетативно через клубни. YVK существует в виде комплекса штаммов [1].

Для создания средств защиты картофеля нового поколения, основанных на механизме РНК-интерференции, было проведено глубокое секвенирование транскриптомов (РНК-Seq) образцов картофеля сортов Индиго и ЛаСтрада, выращенных из оздоровленного посадочного материала (миниклубней) в Московской и Астраханской областях, различных по климатическим условиям. На основе 32 полученных библиотек РНК-Seq была проведена сборка de novo геномов YVK.

Количество прочтений в библиотеках клубневого материала варьировало от 28.152.517 до 124.969.530, а после удаления картофельных прочтений — от 7.826.722 до 44.415.640. В библиотеках листового материала — от 29.936.259 до 46.005.200, после очистки — от 8.110.751 до 18.507.903. С помощью сборщиков Trinity, rnaSPAdes и rnaviralSPAdes собрано от 14.737 до 118.194 различных контигов в каждой библиотеке листового материала и от 62.727 до 234.562 в библиотеках клубневого материала. Из них 73 контига являются полногеномными контигами YVK из библиотек листового и клубневого материалов. rnaviralSPAdes собрал меньше полногеномных контигов YVK, чем два других сборщика, но был более точным, т.к. среднее количество мисметчей на контиг этого сборщика было гораздо меньше.

Процент картирования прочтений на все собранные контиги в среднем равнялся 60-80%. Все YVK контиги включали последовательность длиной 9183 нт, кодирующую полно-размерный вирусный полипротеин, инделей обнаружено не было. Выравнивание контигов выявило 10.3% полиморфных нуклеотидных позиций и 5.2% полиморфных аминокислотных позиций. Высокая вариабельность нуклеотидной и аминокислотной последовательностей может указывать на вероятные различия в свойствах вариантов YVK.

Анализ показал, что геномы состоят из секций «родительских» штаммов YVK-O и YVK-Eu-N. Астраханские листовые варианты YVK имеют организацию рекомбинантного штамма NTNb, а московские листовые варианты - рекомбинантного штамма NTNa. Однако, в астраханских клубневых библиотеках преобладает группа вариантов, имеющих гомологию в 3'-концевом участке генома, кодирующем белки NIa, NIb и белок оболочки, с «родительским» вариантом PVY-O (рис.1).

Вариабельность нуклеотидных последовательностей учтена при дизайне противовирусных дцРНК, способных ингибировать репликацию различных штаммов YVK.

Работа выполнена при финансовой поддержке РФФИ (проект № 23-74-30003).

Источники и литература

- 1) Quenouille, J., et al (2013) Potato virus Y: a major crop pathogen that has provided major insights into the evolution of viral pathogenicity, *Molecular Plant Pathology*, 14(5), 439-452.

Иллюстрации

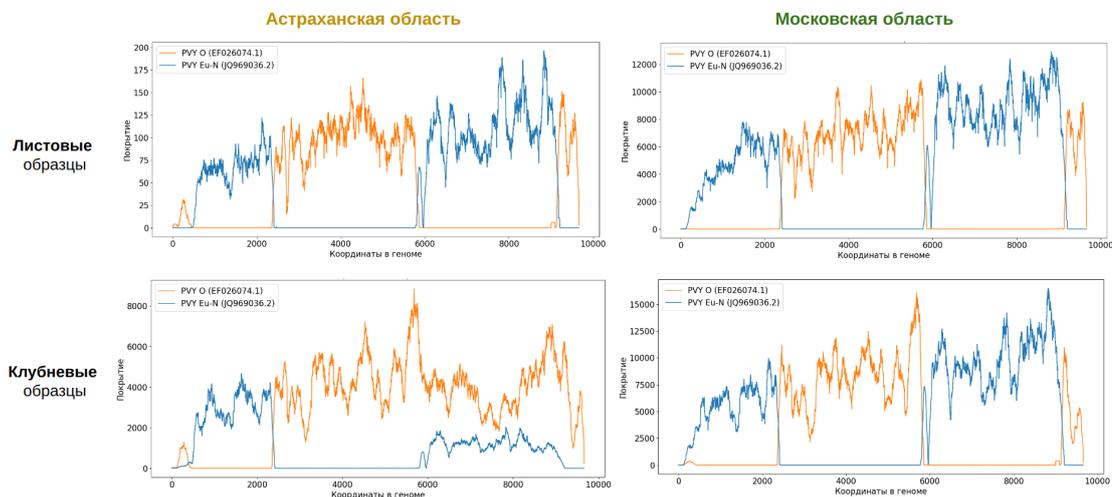


Рис. Картирование прочтений библиотек на геномы штаммов YVK-O и YVK-Eu-N