

**Профилирование транскриптома аллогексаплоидной пшеницы с помощью высокопроизводительного секвенирования РНК (RNA-seq)**

**Научный руководитель – Шоева Олеся Юрьевна**

***Вихорев Александр Викторович***

*Студент (магистр)*

Новосибирский государственный университет, Факультет естественных наук,

Новосибирск, Россия

*E-mail: vikhorev97@mail.ru*

Пшеница - важнейшая сельскохозяйственная культура, на долю которой приходится около 20% потребляемых человеком калорий. Длительное время селекция пшеницы велась в основном с отбором по фенотипическим признакам побега, корням уделялось мало внимания, в результате чего корневая система современных сортов ослабла по сравнению со старыми сортами [2]. Сейчас это упущение компенсируется, о чем свидетельствует объявленная журналом Nature «зеленая революция под землей» [1]. Поэтому изучение генетического контроля развития корней пшеницы является актуальной задачей. Подходящим методом для этого является профилирование транскриптома при помощи высокопроизводительного секвенирования РНК (RNA-seq), так как оно позволяет оценить экспрессию генов в масштабе всего генома, а также найти конкретные гены, ответственные за интересующие признаки, которые будут использоваться в ходе селекции.

Целью данной работы является изучение транскриптома проростков аллогексаплоидной пшеницы с помощью RNA-seq анализа для выявления дифференциально экспрессирующихся между корнем и побегом генов и корень-специфичных генов, участвующих в развитии корневой системы пшеницы.

В данной работе мы использовали библиотеки РНК, полученные из корня и coleoptile четырехдневных проростков пшеницы сорта Саратовская 29. Библиотеки секвенировались на аппарате Illumina NextSeq 550, были получены парные прочтения длиной 75 нуклеотидов. Впервые был de novo собран транскриптом модельного российского сорта Саратовская 29. В de novo сборке были обнаружены 94.2% консервативных генов однодольных растений, а также 112 934 открытые рамки считывания, что близко к количеству рамок считывания в аннотированном референсном транскриптом (119 267 открытые рамки считывания). Все это говорит о достаточно высоком качестве полученного транскриптома. Было обнаружено 67 339 (50% от общего количества) дифференциально экспрессирующихся транскриптов, из них 31 488 имеют повышенную экспрессию в корне, 35 851 - пониженную. Корень-специфичной экспрессией обладают 18 040 (13%) транскриптов. В ходе анализа насыщения терминов генной онтологии было выявлено, что наиболее распространенными продуктами дифференциально экспрессирующихся генов являются мембранные белки и белки, связанные с фосфорилированием. Вероятно, эти белки являются корень-специфичными рецепторами и регуляторными белками, ответственными за развитие корня.

**Источники и литература**

- 1) Gewin, V. Food: An underground revolution // Nature. 2010. V. 466. P. 552-553.
- 2) Waines, J. G., & Ehdaie, B. Domestication and crop physiology: Roots of green-revolution wheat // Annals of Botany. 2007. V. 100. P. 991-998.