



Поиск генетических маркеров, ассоциированных со снижением устойчивости риса к *Rhizoctonia solani* при избытке азотных удобрений, на основе реконструкции и анализа генных сетей

А.В. Адамовская^{1,2}, Е. А. Антропова^{1,2}, А. Р. Волянская^{1,2}, П. С. Деменков^{1,2}, И.В. Яцык^{1,2},
Т. В. Иванисенко^{1,2}, Ю. Л. Орлов^{1,3,4}, Н. Chao⁵, М. Chen⁵, В. А. Иванисенко^{1,2}

¹ Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук, Новосибирск, Россия

² Новосибирский государственный университет, Новосибирск, Россия

³ Аграрно-технологический институт Российского университета дружбы народов, Москва, Россия

⁴ Центр цифрового здоровья, Первый МГМУ им. И.М. Сеченова Минздрава России, Москва, Россия

⁵ Department of Bioinformatics, College of Life Sciences, Zhejiang University, Hangzhou, China

Новосибирск, 2025



- Рис - одна из самых хозяйственно ценных культур, составляющая основную часть рациона питания около половины мирового населения. Азотные удобрения, повышающие урожайность риса, при избытке могут снижать устойчивость растений к заболеваниям, в частности, к ризоктониозу, вызываемому *Rhizoctonia solani*. Этот патоген способен уничтожить до 50% урожая, однако механизмы, лежащие в основе снижения устойчивости при избытке азота, остаются малоизученными.

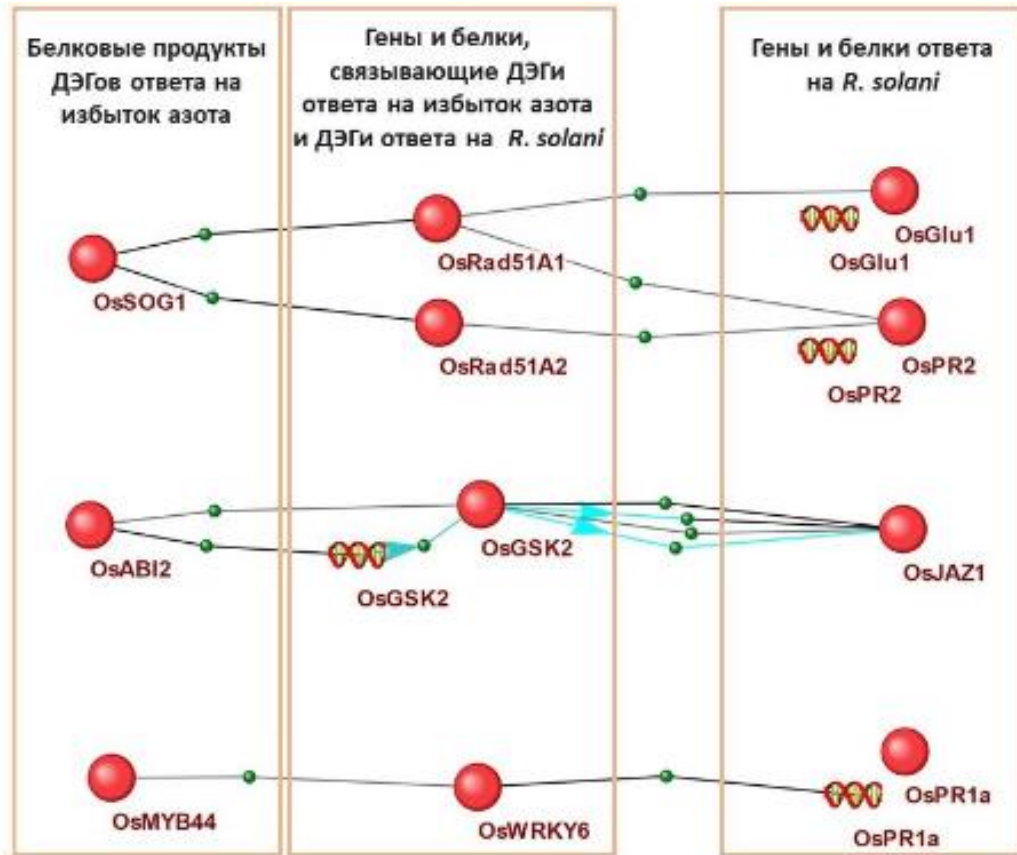


Цель: Поиск потенциальных генов-маркеров для повышения устойчивости риса к *Rhizoctonia solani* в условиях избытка азота.

Методы исследования: анализ дифференциальной экспрессии генов, реконструкция генных сетей с использованием базы знаний «Smart Crop» программно-информационной системы ANDSystem, структурно-функциональный анализ полученных сетей, анализ перепредставленности биологических процессов, филостратиграфический анализ и анализ коэкспрессии некодирующих РНК.

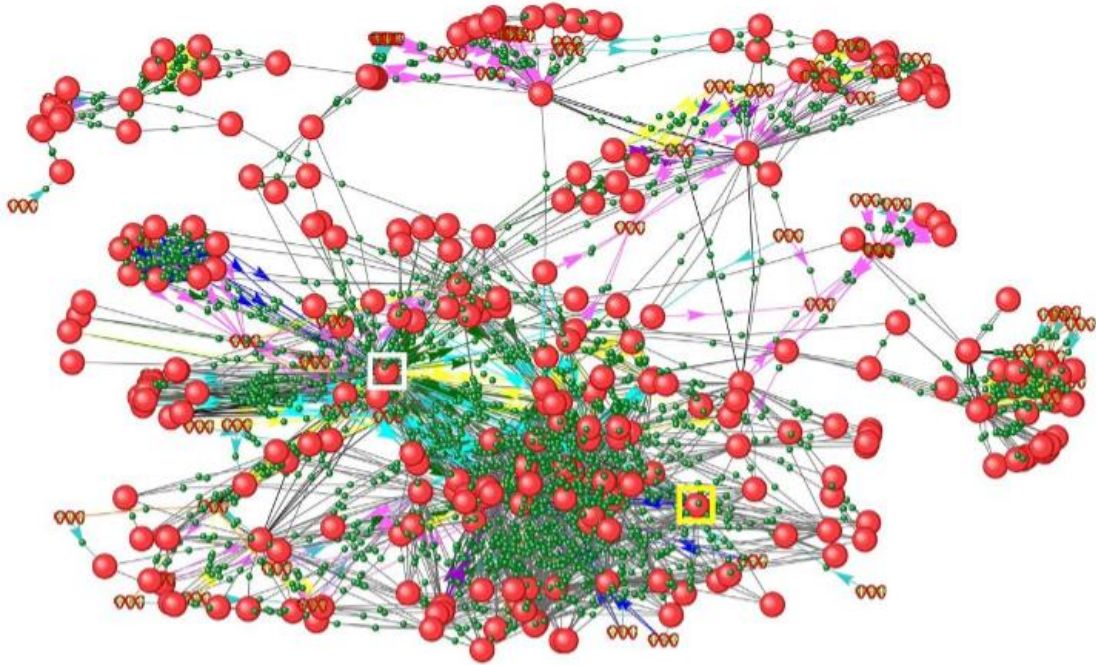


Результаты



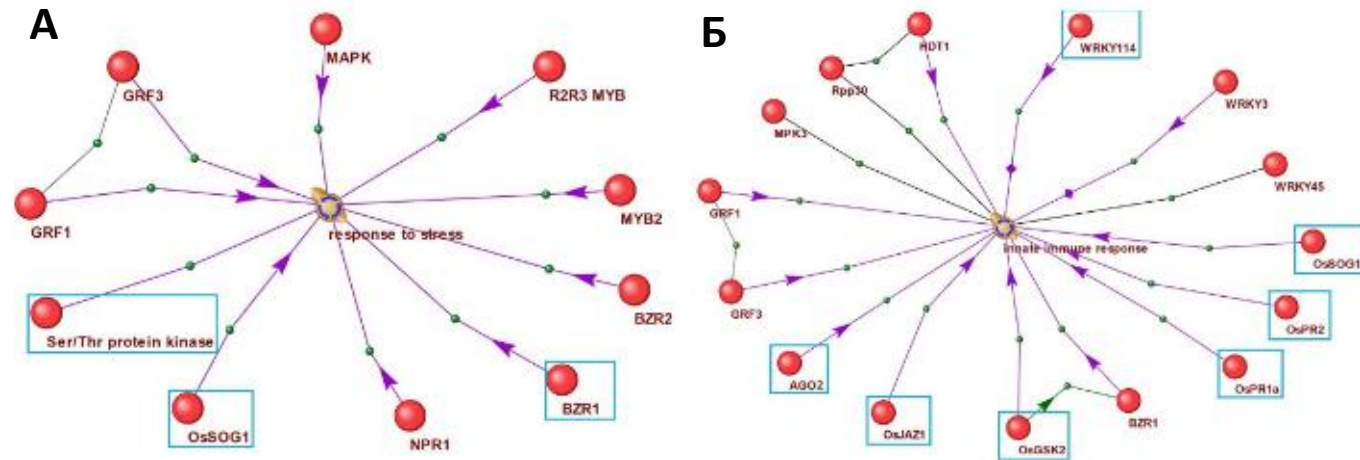
Выявлены гены, дифференциально экспрессирующиеся при инфицировании риса *Rhizoctonia solani*, а также гены, дифференциальная экспрессия которых наблюдалась в условиях избытка азота. Реконструкция и анализ молекулярно-генетических сетей с участием идентифицированных генов выявили три потенциальных механизма, объясняющих снижение устойчивости риса к *Rhizoctonia solani* при избытке азота: OsGSK2-опосредованный путь, SOG1-Rad51-PR1/PR2 путь и путь OsMYB44-OsWRKY6-OsPR1.

Результаты



Реконструирована расширенная генная сеть, позволившая установить потенциальные маркеры для селекции, направленной на повышение устойчивости риса к патогенам, главным образом к *Rhizoctonia solani*, в условиях избытка азота. Среди маркеров были найдены гены, контролирующие ответ риса на широкий круг стрессов (BZR1, серин-треониновая протеинкиназа SAPK4, транскрипционный фактор SOG1) и гены-модуляторы иммунной системы (WRKT114, AGO2, GSK, PR1, PR2, JAZ1 и SOG1).

Регуляция биологических процессов «response to stress» (А) и «innate immune response» (Б) белками, являющимися компонентами генной сети ответа риса на патогенный грибок в условиях избытка азота.



Филостратиграфический анализ генной сети выявил, что средний эволюционный возраст потенциальных генов-маркеров группы «innate immune response» составляет 605 млн лет, а для группы «response to stress» - 1270 млн лет.

Для маркер-ориентированной селекции наиболее перспективными представляются эволюционно молодые гены сети: OsPR5, OsNAC6, OsMPK3, R2R3-MYB, OsPR1b и histone H4.

Вариации в генах с большим эволюционным возрастом могут влиять на множество фенотипических признаков в связи с их участием в функционировании более фундаментальных процессов, что может усложнять селекцию по целевым свойствам.

Заключение

Проведенное исследование позволило предположить механизмы, объясняющие ухудшение устойчивости риса к грибку *Rhizoctonia solani* на фоне повышенных концентраций азотных удобрений. Полученные результаты создают теоретическую основу для экспериментальных работ по созданию новых сортов риса с повышенной устойчивостью к патогенам в условиях избытка азотных удобрений.



Финансирование: Исследование поддержано грантом РНФ № 23-44-00030.