

## КОМПЛЕКСНЫЙ ПОДХОД К ИЗУЧЕНИЮ ГЕНЕТИЧЕСКИХ МЕХАНИЗМОВ ВРЕМЕНИ КОЛОШЕНИЯ И СОЗРЕВАНИЯ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ

Антонина Киселева<sup>1,2</sup>, Алина Бережная<sup>1</sup>, Анатолий Стасюк<sup>1</sup>, Екатерина Тимонова<sup>1,2</sup>,  
Анастасия Коложвари<sup>1</sup>, Ирина Леонова<sup>1</sup>, Алексей Кочетов<sup>1,2</sup>, Елена Салина<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup> Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук» (ИЦиГ СО РАН), Россия, Новосибирск

<sup>2</sup> Курчатовский геномный центр ИЦиГ СО РАН, Россия, Новосибирск,  
*antkiseleva@bionet.nsc.ru*

Вегетационный период растений состоит из двух основных стадий - периода от всходов до колошения и периода от колошения до созревания. Ранее были выявлены и описаны ключевые гены, участвующие в переходе растения из вегетативной в генеративную фазу развития, однако многие компоненты и механизмы этого пути до сих пор мало изучены. Генетика второй части вегетационного периода (время созревания) в настоящее время практически не исследована.

В данной работе мы использовали две генетические модели чтобы идентифицировать новые локусы и выделить гены-кандидаты для определения времени колошения и созревания пшеницы. Первая представляет собой панель из 95 сортов яровой мягкой пшеницы, для которой была проведена оценка продолжительности фаз развития в течение десяти лет. Вторая - двуродительская популяция от скрещивания сортов с контрастными сроками созревания, была фенотипирована в течении двух лет. Обе панели были генотипированы с помощью чипа Illumina 25K Wheat Array (TraitGenetics). Полученные результаты генотипирования и информация о фенотипе позволила нам использовать методы количественной генетики (GWAS и генетическое картирование с последующим анализом QTL) для выявления локусов, ассоциированных с продолжительностью фаз развития. Данный подход позволил выявить новые локусы и предложить гены-кандидаты как для времени колошения, так и для времени созревания.

Для более детального изучения различных генетических факторов времени колошения и их взаимодействия, применялись различные подходы. Используя методы классической генетики, мы идентифицировали и охарактеризовали новые аллели гена *Vrn-B3* и изучили взаимодействие между основными генами цветения (*Vrn-B3a*, *Ppd-D1* и *Vrn-1*). Секвенирование РНК с последующим биоинформатическим анализом позволило изучить гены с суточным паттерном экспрессии, которые тесно связаны с переходом растения к цветению. Методы редактирования генома с помощью системы нРНК/Cas9 были использованы для создания генетической модели, необходимой для изучения регуляции экспрессии гена *Ppd-D1*. Эта работа в настоящее время продолжается, и мы предполагаем, что в результате будут получены растения с ускоренным колошением.

Таким образом, в данной работе мы расширили наши знания о генетических детерминантах первой стадии вегетационного периода (время колошения) и выявили новые генетические факторы, влияющие на вторую стадию (время созревания).

Данная работа выполнена при поддержке Курчатовского геномного центра ИЦиГ СО РАН (075-15-2019-1662).

---

## A COMPREHENSIVE APPROACH TO STUDY GENETIC MECHANISMS OF COMMON WHEAT HEADING AND MATURITY TIMES

**Antonina Kiseleva<sup>1,2,\*</sup>, Alina Berezhnaya<sup>1</sup>, Anatoliy Stasyuk<sup>1</sup>, Ekaterina Timonova<sup>1,2</sup>, Anastasiya Kolozhvari<sup>1</sup>, Irina Leonova<sup>1</sup>, Alexey Kochetov<sup>1,2</sup>, Elena Salina<sup>1,2</sup>**

<sup>1</sup>*Institute of Cytology and Genetics SB RAS, Russia, Novosibirsk*

<sup>2</sup>*Kurchatov Genomics Center of the Institute of Cytology and Genetics SB RAS, Russia, Novosibirsk,*

\*e-mail: [antkiseleva@bionet.nsc.ru](mailto:antkiseleva@bionet.nsc.ru)

The vegetation period consists of two main stages - the time from seedling to heading and the time from heading to maturity. The key factors involved in the transition of a plant from the vegetative to the generative developmental phase are identified, however many components and mechanisms of this pathway are still unknown. The genetics of the second part of the vegetation period (maturity time) is now poorly understood.

In this work, we have shown that in the long day the vegetation period is influenced by both the period from heading to maturity and heading time itself. We used two genetic models to identify novel loci and dissect candidate genes for wheat heading and maturity times. The first, a panel of 95 common wheat varieties, which was phenotyped for ten years. The second, a biparental population from a cross of varieties with contrasting maturity time. Both panels were genotyped with Illumina 25K Wheat Array (TraitGenetics). Methods of quantitative genetics (GWAS, genetic mapping accompanying with QTL analysis) were used to detect loci for duration of developmental phases. Further analysis let us suggest novel candidate genes for both, heading and maturity times.

A more detailed study of the different components and functioning of heading time involved different approaches. Using methods of classic genetics, we identified and characterized of novel alleles (*Vrn-B3*) and studied the interaction between main flowering genes (*Vrn-B3a*, *Ppd-D1*, and *Vrn-1*). Methods of genome editing with gRNA/Cas9 system are to study the regulation of expression of *Ppd-D1* gene. This work is currently in progress and we guess it will result in plants with shortened heading time.

Thus, in this work we advanced our knowledge about genetic determinants of the first stage of the vegetation period (heading time) and identified new genetic factors influencing the second stage (maturity time).

Genome editing was supported by the Kurchatov Genome Center of the Institute of Cytology and Genetics SB RAS (075-15-2019-1662)