

ПОИСК ГЕНОВ, АССОЦИИРОВАННЫХ С ПРОДОЛЖИТЕЛЬНОСТЬЮ ЦВЕТЕНИЯ И СОЗРЕВАНИЯ СОИ В УСЛОВИЯХ ЦЕНТРАЛЬНОЙ РОССИИ И ЗАПАДНОЙ СИБИРИ

Перфильев Р. Н.¹, Потапов Д. А.², Максименко К. В.², Кирюхин С. В.³, Гуринович С. О.³, Панарина В. И.³, Полюдина Р. И.², Салина Е. А.⁴

¹Институт цитологии и генетики СО РАН

²СФНЦА РАН, Новосибирск, Россия

³ФГБНУ ФНЦ ЗБК, Орёл, Россия

⁴КГЦ, ИЦиГ СО РАН, Новосибирск, Россия

pervf.1999@gmail.com

Вегетационный период — главный лимитирующий фактор, ограничивающий возможность возделывания сортов сои в пределах определённого диапазона широт. Хотя за последнее десятилетие был достигнут значительный успех в генетике вегетационного периода сои. Были определены белок кодирующие последовательности и функциональные нуклеотидные замены не только, для ключевых генов *E1-E4*, но также и для других локусов, ассоциированных с данным признаком, к примеру, *E1lb*, *Tof4*, *Tof5*, *Tof8* и *Tof18*. Тем не менее, поиск новых локусов и генов, остаётся актуальной задачей для дальнейшего улучшения данной культуры. В нашей работе, с помощью полногеномного поиска ассоциаций мы обнаружили 32 SNPs ассоциированных с продолжительностью цветения и созревания сои в условиях Орловской и Новосибирской области. В результате приоритизации генов-кандидатов, мы выделили три, как наиболее интересные для дальнейшего изучения *GmSPL3* (*SQUAMOSA PROMOTER BINDING PROTEIN-LIKE 3*), *GmTOE1* (*TARGET OF EAT1*) и *GmGAI2a* (*GA-INSENSITIVE*). Первый и второй ген, контролируют цветение у арабидопсиса в зависимости от внешней температуры. Третий кодирует DELLA (D-aspartic acid, E-glutamic acid, L-leucin, A-alanin) белок — центральный компонент в ответе растения на гиббереллины. У данных генов-кандидатов, мы обнаружили гаплотипы, которые ассоциированы с продолжительностью цветения и созревания и, возможно, обуславливают адаптацию сои к северным широтам.

Исследование выполнено при финансовой поддержке Российского научного фонда (проект РНФ No 21-76-30003).

SEARCH FOR GENES ASSOCIATED WITH THE DURATION OF FLOWERING AND MATURITY OF SOYBEAN IN THE CONDITIONS OF CENTRAL RUSSIA AND WESTERN SIBERIA

Pervfilev R. N.¹, Potapov D. A.², Maksimenko K. V.², Kiryukhin S. V.³, Gurinovich S. O.³, Panarina V. I.³, Polyudina R. I.², Salina E. A.⁴

¹*Institute of Cytology and Genetics of the SB RAS*

²*SFSC RAS, Novosibirsk, Russia*

³*FSBSI FSC LGC, Orel, Russia*

⁴*KGC, ICG SB RAS, Novosibirsk, Russia*

pervf.1999@gmail.com

The vegetation period is the primary limiting factor that restricts the cultivation of soybean varieties within certain latitude ranges. Although significant progress has been made in understanding the genetics of the soybean vegetation period over the past decade, there is still much to learn. Protein-coding sequences and functional nucleotide substitutions have been identified not only for the key genes *E1-E4* but also for other loci associated with this trait, such as *aEs1lb*, *Tof4*, *Tof5*, *Tof8*, and *Tof18*. However, the search for new loci and genes remains a critical task for further improving this crop. In our study, using a genome-wide association study (GWAS), we identified 32 SNPs associated with the duration of flowering and maturation of soybeans in the Orel and Novosibirsk regions. Through candidate gene prioritization, we identified three genes as particularly promising for further research: *GmSPL3* (*SQUAMOSA PROMOTER BINDING PROTEIN-LIKE 3*), *GmTOE1* (*TARGET OF EAT1*), and *GmGAI2a* (*GA-INSENSITIVE*). The first two genes regulate flowering in *Arabidopsis* in response to external temperature, while the third encodes DELLA (D-aspartic acid, E-glutamic acid, L-leucine, A-alanine) protein, a central component in the plant's response gibberellins. In these candidate genes, we discovered haplotypes associated with the duration of flowering and maturation, which may play a role in the adaptation of soybeans to northern latitudes.

This research was funded the Russian Science Foundation (RSF project No. 21-76-30003).