

ПОИСК ЛОКУСОВ ХОЗЯЙСТВЕННО ЦЕННЫХ ПРИЗНАКОВ СОИ С ПОМОЩЬЮ ПОЛНОГЕНОМНОГО АНАЛИЗА АССОЦИАЦИЙ В УСЛОВИЯХ ВЛАЖНЫХ СУБТРОПИКОВ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ

Меньков М. Т.¹, Лепилова Е. А.¹, Розанова И. В.², Сеферова И. В.³, Бойко А. П.³,
Димитриева А. А.¹, Хлесткина Е. К.¹

¹ Научно-технологический университет "Сириус"

² НБС-ННЦ, г. Ялта

³ ВИР им. Н.И. Вавилова

kuu77753@gmail.com

Наиболее перспективным методом выявления геномных локусов, ассоциированных с селекционно значимыми признаками, является полногеномный анализ ассоциаций (GWAS). Анализ генов-кандидатов в выявленных локусах позволит в дальнейшем маркировать селекционно ценные гены и вести ускоренный отбор селекционного материала ускоренным способом при помощи ДНК-диагностики. Современные методы исследования последовательности позволяют эффективно применять методы таргетного секвенирования геномов различных сортов для генотипирования (GBS) и последующего анализа ассоциаций «генотип-фенотип».

Целью данной работы было выявить ассоциацию между генотипом и фенотипом ценных хозяйственных признаков и вести ускоренный отбор селекционного материала ускоренным способом при помощи ДНК-диагностики.

Мы провели исследование на 202 образцах мировой коллекции сои ВИР, контрастно отличающиеся по фенотипу и ранее не участвующие в подобном исследовании. Была осуществлена комплексная фенотипическая оценка 202 образцов мировой коллекции сои ВИР в условиях влажного субтропического климата в 2023, 2024 году. Также мы провели GBS генотипирование 190 образцов сои для дальнейшего GWAS исследования, эти образцы ранее не генотипировали.

Использование метода GWAS на ранее не изученных сортах с применением метода GBS генотипирования позволяет нам получить новую информацию о SNP генов ценных хозяйственных признаков. Полученные данные помогут в разработке ДНК-маркеров для ускоренной селекции.

Работа выполнена в рамках аспирантской работы НТУ «Сириус» при поддержке № 075-15-2022-323 от 21.04.2022 "Создание и развитие научного центра мирового уровня "Агротехнологии будущего".

Ключевые слова: генотипирование, GWAS, секвенирование, GBS, соя, фенотипирование, ускоренная селекция

WHOLE GENOME ASSOCIATION ANALYSIS IN THE HUMID SUBTROPICS OF THE RUSSIAN FEDERATION

Menkov M. T.¹, Lepilova E. A.¹, Rozanova I. V.², Seferova I. V.³, Boyko A. P.³,
Dimitrieva A. A.¹, Khlestkina E. K.¹

¹ *Sirius University of Science and Technology, Sirius Federal Territory, Krasnodar region, Russia*

² *The Nikitsky Botanical Gardens*

³ *All-Russian Institute of Plant Genetic Resources*

kuu77753@gmail.com

The most promising method for identifying genomic loci associated with breeding-significant traits is genome-wide association analysis (GWAS). Analysis of candidate genes in the identified loci will further allow marking breeding-valuable genes and conducting accelerated selection of breeding material in an accelerated manner using DNA diagnostics. Modern methods of sequence research allow the effective use of targeted sequencing of genomes of various varieties for genotyping (GBS) and subsequent analysis of genotype-phenotype associations.

The aim of this work was to identify the association between the genotype and phenotype of valuable economic traits and conduct accelerated selection of breeding material in an accelerated manner using DNA diagnostics.

We conducted a study on 202 samples of the world soybean collection of VIR, contrastingly different in phenotype and not previously involved in such a study. A comprehensive phenotypic assessment of 202 samples of the VIR world soybean collection was carried out in a humid subtropical climate in 2023 and 2024. We also conducted GBS genotyping of 190 soybean samples for further GWAS research; these samples had not been genotyped before.

Using the GWAS method on previously unstudied varieties using the GBS genotyping method allows us to obtain new information about the SNP genes of valuable economic traits. The data obtained will help in the development of DNA markers for accelerated selection.

The work was carried out as part of the postgraduate work of NTU "Sirius" with the support of No. 075-15-2022-323 dated 04/21/2022 "Creation and development of a world-class scientific center "Agrotechnologies of the Future".

Keywords: genotyping, GWAS, sequencing, GBS, soybean, phenotyping, accelerated selection