

Полногеномный поиск вариантов, ассоциированных с урожайностью пшеницы

М.А. Дук^{1,2*}, В.С. Юсов³, М.Г. Евдокимов³, А.А. Канапин², М.Г. Самсонова², А.Л. Шпигель³

¹ Физико-технический институт им. А.Ф. Иоффе, Санкт-Петербург, Россия

² Санкт-Петербургский Политехнический университет Петра Великого, Санкт-Петербург, Россия

³ Омский аграрный научный центр, Омск, Россия

* duk@mail.ioffe.ru

Цель: Обнаружение новых генетических вариантов, ассоциированных с урожайностью, а также другими признаками, связанными с качеством зерна у пшеницы.

Материалы и методы: Были использованы генетические данные 149 сортов пшеницы (*Triticum turgidum* subsp. *durum*) *Triticum durum* Desf. Полевые опыты были заложены 2021–2023 гг. по пару в специализированном селекционном севообороте Омского АНЦ. Экстракцию ДНК проводили из семидневных проростков зерен пшеницы в лаборатории молекулярной генетики Омского АНЦ. Секвенирование образцов, подготовленных по методу генотипирования путем секвенирования, проводили в Курчатовском геномном центре на приборе Novaseq 6000 с использованием протокола Illumina. Прочтения Illumina выравнивали на референсный геном геному Svevo.v1 (INSDC Assembly GCA_900231445.1) с использованием программы bwa с параметрами по умолчанию. Поиск однонуклеотидных полиморфизмов (ОНП) выполнен программой NGSEP. Фильтрация ОНП выполнена с использованием VCFtools по частоте минорной аллели большей 0.05. Результирующее количество ОНП составило 81035. Для поиска ассоциаций использовались пакеты для R PIVmrMLM в режиме Single_env и GAPIT3 с использованием моделей GLM, MLM, SUPER, FarmCPU, Blink. Функциональная аннотация генов, в которые попали найденные варианты, получена на основе автоматической аннотации баз данных UniProt и InterPro.

Результаты: При анализе фенотипов было обнаружено, что период всходы – колошение практически не зависит от года посева, тогда как период всходы – восковая спелость зависит от внешних условий. Было показано, что урожайность положительно коррелирует с весом тысячи семян, количеством семян в главном колосе и весом семян с главного колоса, и отрицательно коррелирует с периодом всходы – колошение во все три года наблюдения. Корреляция между количеством колосков в главном колосе и остальными признаками, связанными с урожайностью, не была явно выражена. В результате анализа GWAS разными методами было обнаружено 204 QTN ассоциированных с 7 рассматриваемыми признаками, измеренными в 2021–2023 годах, 8 из них были ассоциированы с несколькими признаками, 5 из них были найдены несколькими моделями. Все найденные QTN были подтверждены с помощью t-теста для исключения возможных ложноположительных ассоциаций. Из 204 найденных QTN 53 попадали в тело 48 известных генов. Согласно аннотации баз данных UniProt и InterPro, 12 из этих генов отвечают за защиту растения от патогенов и других организмов и устойчивости к заболеваниям, 5 – за транспорт железа и других металлов, 5 – за трансмембранный транспорт. Среди этих генов встречаются также гены, регулирующие рост, реакцию на тепло, метаболизм и регуляцию транскрипции и трансляции. Интересно, что в 5 генов попало несколько найденных QTN, среди них TRITD_6Bv1G087580, продукт которого участвует в связывании ионов железа, TRITD_7Av1G273330, связанный с транспортом в комплексе Гольджи, TRITD_4Bv1G189790, связанный с ДНК-метилованием, TRITD_6Av1G000110 связанный с метаболизмом жирных кислот и TRITD_4Av1G204470 связанный с защитными механизмами растения. QTN, попавшие в эти гены, были ассоциированы с несколькими признаками, такими как вес 1000 семян, вес семян с главного колоса, количество семян с главного колоса, длина периода всходы – колошение и урожайность. Расстояния между QTN, попавшими в эти гены, было менее 200 п.о.

Выводы: В результате полногеномного поиска ассоциаций были обнаружены ассоциации генетических вариантов с урожайностью пшеницы и другими признаками, связанными с урожайностью. Из всех генов, в которые попадали найденные QTN, четверть была связана с защитными механизмами растения, что может указывать на сильное влияние различных заболеваний и вредителей на урожайность растений, которую нельзя исключать из рассмотрения при выборе сортов для дальнейшего улучшения. Кроме того, обнаружено, что в 5 генов попадали близко расположенные QTN, ассоциированные с разными признаками, найденные разными моделями, что может указывать на важность этих генов при дальнейшем изучении возможности улучшения сортов.

Финансирование: Исследование поддержано федеральным грантом Минобрнауки РФ «Хлеба России» в рамках реализации соглашения № 075-15-2021-1066 от 28 сентября 2021 года.