doi 10.18699/bgrs2026-879

Выявление локусов и генов-кандидатов, отвечающих за размер и форму зерна озимой мягкой пшеницы

Будяк Д.В.[1]*, Киселёва А.А.[1], Салина Е.А.[1]
[1] *Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия*
* *d.v.budyak@gmail.com*

Ключевые слова: GWAS; Seed Counter; озимая пшеница; размер и форма зерна

Мотивация и цель: Пшеница является наиболее распространенной сельскохозяйственной культурой, широко культивируемой в различных регионах планеты. Селекционеры и исследователи из разных стран стремятся улучшить ценные с хозяйственной точки зрения признаки. Одними из значимых сельскохозяйственных признаков являются размер и форма зерна пшеницы. Размеры зерна коррелируют с урожайностью культуры, а его форма влияет на натуру, то есть отношение массы зерна к занимаемому объему. Зерно с высокой натурой считается более качественным, поскольку дает больший выход муки при помоле. Целью данной работы стало выявление однонуклеотидных полиморфизмов (SNP), статистически значимо ассоциированных с признаками размера или формы зерна озимой мягкой пшеницы.
Методы и алгоритмы: В ходе данного исследования была проанализирована коллекция, включающая 169 образцов озимой мягкой пшеницы, предоставленных Всероссийским институтом генетических ресурсов им. Н.И. Вавилова. В данной коллекции представлены как отечественные сорта, так и зарубежные. Анализ параметров размера и формы зерна проводился посредством высокопроизводительного фенотипирования. Разработанная в ИЦиГ СО РАН программа Seed Counter оценивает изображения зерен и производит оценку параметров размера (длина, ширина, площадь) или формы (отношение длины/ширины, округлость, кругообразность, цельность и изрезанность).
Генотипирование образцов проводилось компанией TraitGenetics (Германия) при помощи микрочипа Illimina Infinium 25 K Wheat Array. Преимуществом данного микрочипа является высокое качество подобранных маркеров, благодаря чему удается получить больше информации о функциональных однонуклеотидных полиморфизмах (SNP). Полногеномный анализ ассоциаций был проведен с использованием пакета GAPIT 3.0 языка программирования R. При анализе экспрессии генов была использована база данных Wheat Expression (https://www.wheat-expression.com/).
Результаты: В ходе исследования коллекции сортов озимой мягкой пшеницы было выявлено 100 SNP-маркеров, статистически значимо (p-value<0.001) ассоциированных с признаками размеров и формы зерна. Семь маркеров были одновременно ассоциированы с двумя признаками, а один с тремя. Примечательно, что все маркеры были одновременно ассоциированы либо с признаками размеров зерна, либо с его формой. Позиции выявленных маркеров были сопоставлены с расположением генов, ранее описанных в литературе. Ряд маркеров был локализован в кодирующих областях генов, для которых ранее было описано влияние на размер зерна, например, *Floury Endosperm 2, Grain Size 3, Grain Length 3, Grain Size 5, NAC-A18, Auxin response factor 12, WAPO, Bri1-like.* В то же время часть выявленных локусов не пересекалась ни с одним из ранее описанных генов.
Выводы: Размер и форма зерна пшеницы являются важными признаками, связанными с качеством зерна. Обнаруженные маркеры были сопоставлены с ранее описанными в научной литературе генами, влияющими на размер и форму зерна пшеницы. В некоторых случаях признак, с которым был ассоциирован маркер, не соответствовал описанию сцепленного с ним гена в научной литературе. Это может свидетельствовать о наличии более комплексного, чем предполагалось ранее, влияния, которое данный ген оказывает на определение формы и размера зерна пшеницы.
Финансирование: Исследование выполнено при поддержке бюджетного проекта FWNR-2024-0009.

Identification of loci and candidate genes responsible for grain size and shape in winter bread wheat

Budyak D.V.[1]*, Kiseleva A.A.[1], Salina E.A.[1]
[1] *Institute of Cytology and Genetics SB RAS, Novosibirsk, Russia*
* *d.v.budyak@gmail.com*

Key words: GWAS; Seed Counter; winter wheat; grain size and shape

Motivation and Objectives: Wheat is the most widespread agricultural crop cultivated in various regions of the planet. Breeders and researchers from different countries strive to improve economically valuable traits. One of the significant agronomic traits is the size and shape of wheat grain. Grain size correlates with crop yield, while its shape affects grain density, i.e., the ratio of grain mass to occupied volume. Grain with high density is considered higher quality as it

provides better flour yield during milling.
The objective of this work was to identify single-nucleotide polymorphisms (SNPs) statistically significantly associated with grain size or shape traits in winter bread wheat.
Methods and Algorithms: This study analyzed a collection of 169 winter bread wheat samples provided by the N.I. Vavilov Institute of Plant Genetic Resources. The collection includes both domestic and foreign varieties. The analysis of grain size and shape parameters was conducted using high-throughput phenotyping. The Seed Counter program developed at the Institute of Cytology and Genetics SB RAS evaluates grain images and assesses size parameters (length, width, area) and shape parameters (length-to-width ratio, roundness, circularity, integrity, and incision).
Genotyping of samples was performed by TraitGenetics (Germany) using the Illumina Infinium 25K Wheat Array. The advantage of this array is the high quality of selected markers, allowing obtaining more information about functional single-nucleotide polymorphisms (SNPs).
Genome-wide association analysis was conducted using the GAPIT 3.0 package in R programming language. Gene expression analysis utilized the Wheat Expression database (https://www.wheat-expression.com).
Results: The study of winter wheat varieties collection identified 100 SNP markers statistically significantly (p-value<0.001) associated with grain size and shape traits. Seven markers were simultaneously associated with two traits, and one with three. Notably, all markers were simultaneously associated either with grain size traits or grain shape. The positions of identified markers were compared with location of the genes previously described in literature. Several markers were localized in coding regions of genes previously described to influence grain size, such as *Floury Endosperm 2*, *Grain Size 3*, *Grain Length 3*, *Grain Size 5*, *NAC-A18*, *Auxin response factor 12*, *WAPO*, *Bri1-like*. At the same time, some of the identified loci did not overlap with any previously described genes.
*Conclusions:*Wheat grain size and shape are important traits related to grain quality. The identified markers were compared with genes previously described in scientific literature as affecting wheat grain size and shape. In some cases, the trait associated with a marker did not correspond to the description of the linked gene in scientific literature. This may indicate a more complex influence of these genes on wheat grain shape and size than previously assumed.
*Funding:*The study was supported by the budget project FWNR-2024-0009.