



Полногеномный поиск вариантов, ассоциированных с урожайностью пшеницы

М.А. Дук, В.С. Юсов, М.Г. Евдокимов, А.А. Канапин, М.Г. Самсонова, А.Л. Шпигель

Цель

- Обнаружение новых генетических вариантов, ассоциированных с:
- период всходы - колошение (germination - earing period, GEP),
- период всходы - восковая спелость (germination - wax ripeness period, GRP),
- масса 1000 зерен (thousand seed weight, TSW),
- масса зерна с главного колоса (seed weight per spike, SWpS),
- количество зерен в главном колосе (seed number, SN),
- количество колосков в главном колосе (spikelet number, SpN),
- Урожайность (yield, YLD)

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 7-ми дневных проростков зерен пшеницы в лаборатории молекулярной генетики Омского АНЦ. Секвенирование образцов 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 R IIIVmrMLM 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:
- период всходы – колошение практически не зависит от года посева,
- период всходы – восковая спелость зависит от внешних условий
- урожайность положительно коррелирует с весом тысячи семян, количеством семян в главном колосе и весом семян с главного колоса
- урожайность 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.

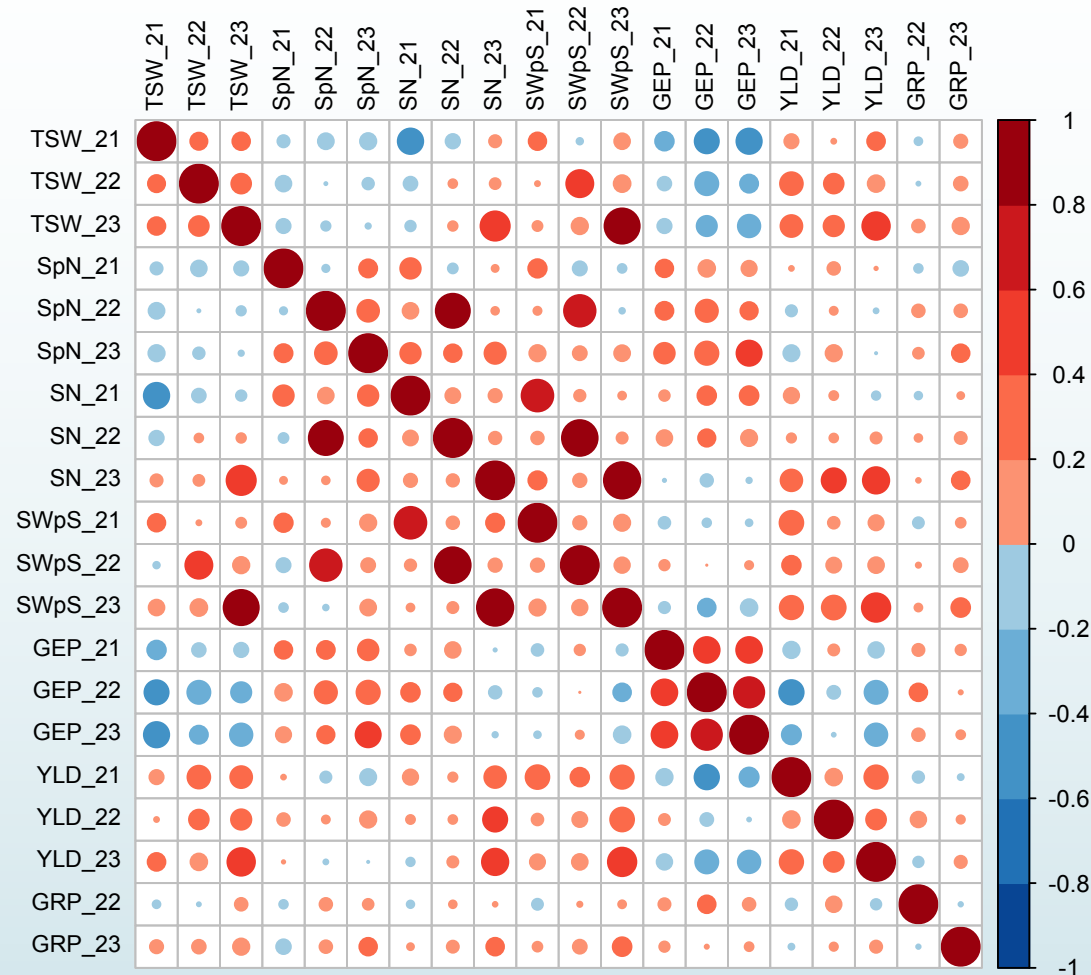


Рисунок 1. Корреляция между фенотипическими признаками.

SNP (Хромосома_позиция)	Признак	Ближайший ген
SLT934122.1_265710493	TSW	TRITD_6Bv1G087580
	SWpS	
SLT934122.1_265710476	TSW	TRITD_7Av1G273330
SLT934123.1_709720165	TSW	
	SN	
	SWpS	
SLT934123.1_709720120	SWpS	TRITD_4Bv1G189790
SLT934118.1_630594424	SN	
SLT934118.1_630594529	SN	
SLT934121.1_141236	GEP	TRITD_6Av1G000110
SLT934121.1_141049	YLD	
SLT934117.1_594562949	GEP	TRITD_4Av1G204470
SLT934117.1_594562919	GRP	
SLT934120.1_3954829	TSW	TRITD_5Bv1G001360
SLT934120.1_43972087	SWpS	TRITD_5Bv1G015620
SLT934119.1_543302209	TSW	TRITD_5Av1G202480
SLT934112.1_5752629	TSW	TRITD_1Bv1G002400
SLT934115.1_129138284	TSW	TRITD_3Av1G056560
SLT934111.1_1161548	TSW	TRITD_1Av1G000480
SLT934116.1_371485743	TSW	TRITD_3Bv1G119180
SLT934123.1_18486182	TSW	TRITD_7Av1G010480
SLT934123.1_724750221	TSW	TRITD_7Av1G279970
SLT934113.1_74915821	SpN	TRITD_2Av1G036040
SLT934123.1_145816880	SpN	TRITD_7Av1G063410
SLT934117.1_661956576	SN	TRITD_4Av1G236700
SLT934120.1_424375002	SN	TRITD_5Bv1G141150
SLT934120.1_619901528	SN	TRITD_5Bv1G218890

- GWAS: разными методами обнаружено 204 QTN, 8 были ассоциированы с несколькими признаками
- 53 QTN попадали в тело 48 известных генов

SLT934116.1_626529157	SWpS	TRITD_3Bv1G204960
SLT934122.1_19943620	SWpS	TRITD_6Bv1G007120
SLT934111.1_455720122	SWpS	TRITD_1Av1G168760
SLT934114.1_44849316	SWpS	TRITD_2Bv1G020790
SLT934115.1_638055543	GEP	TRITD_3Av1G233300
SLT934119.1_509120025	GEP	TRITD_5Av1G187620
SLT934120.1_367611784	GEP	TRITD_5Bv1G123850
SLT934114.1_763323829	GEP	TRITD_2Bv1G255490
SLT934119.1_570753716	GEP	TRITD_5Av1G214810
SLT934122.1_36997232	GEP	TRITD_6Bv1G013030
SLT934114.1_23328945	GEP	TRITD_2Bv1G010770
SLT934120.1_199023192	GEP	TRITD_5Bv1G068720
SLT934124.1_720091455	GEP	TRITD_7Bv1G233660
SLT934116.1_780909954	YLD	TRITD_3Bv1G259630
SLT934121.1_1623389	YLD	TRITD_6Av1G000970
SLT934123.1_723547513	YLD	TRITD_7Av1G279290
SLT934117.1_596729099	YLD	TRITD_4Av1G205270
SLT934117.1_583266420	GRP	TRITD_4Av1G198820
SLT934114.1_3211623	GRP	TRITD_2Bv1G001760
SLT934120.1_671930943	GRP	TRITD_5Bv1G240420
SLT934124.1_708142253	GRP	TRITD_7Bv1G229600

Результаты

- 12 из этих генов отвечают за защиту растения и устойчивость, 5 – за транспорт металлов, 5 – за трансмембранный транспорт.
- в 5 генов попало несколько QTN:
- TRITD_6Bv1G087580, продукт которого участвует в связывании ионов железа,
- TRITD_7Av1G273330, связанный с транспортом в комплексе Гольджи,
- TRITD_4Bv1G189790, связанный с ДНК-метилированием,
- TRITD_6Av1G000110 связанный с метаболизмом жирных кислот
- TRITD_4Av1G204470 связанный с защитными механизмами растения

Таблица 1. QTN, попавшие в тело известных генов, красным показан положительный эффект QTN на признак, синим – отрицательный

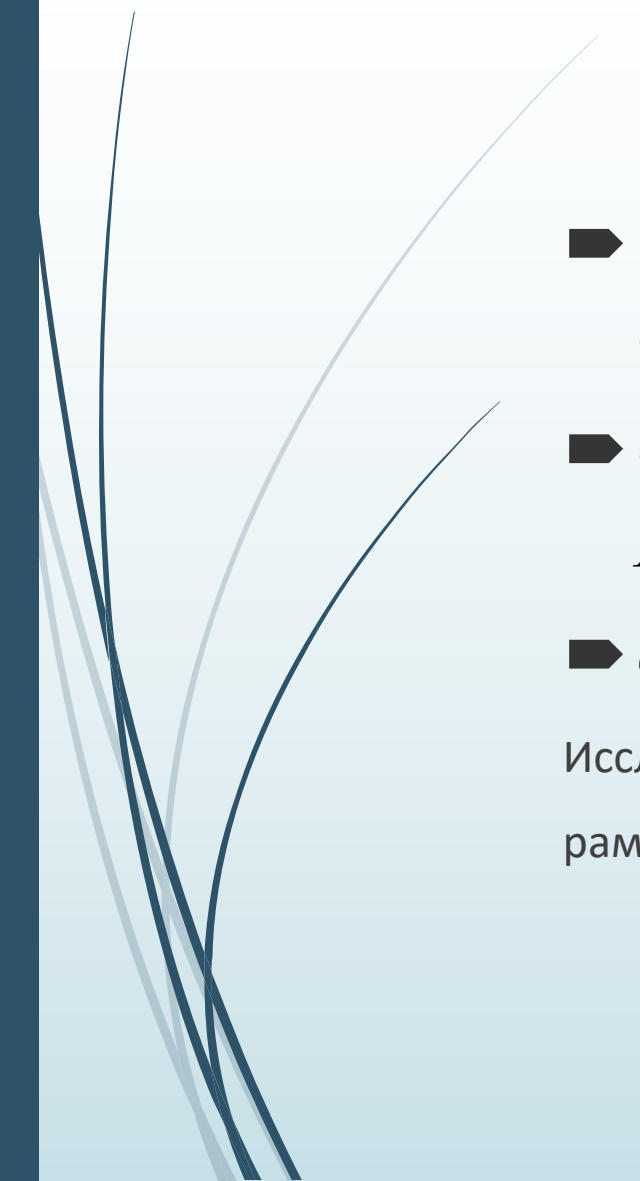


Выводы

- Были обнаружены ассоциации 204 генетических вариантов с 8-ю признаками, связанными с урожайностью
- 53 варианта попадали в тело 48 известных генов
- Четверть этих генов была связана с защитными механизмами растения, что может указывать на сильное влияние различных заболеваний и вредителей на урожайность растений
- Было обнаружено, что в 5 генов попадали близко расположенные варианты, ассоциированные с разными признаками, найденные разными моделями, что может указывать на важность этих генов при дальнейшем изучении возможности улучшения сортов



ССЫЛКИ



- *Физико-Технический институт имени А.Ф.Иоффе, Санкт-Петербург, Россия*
- *Санкт-Петербургский Политехнический университет Петра Великого, Россия*
- *Омский аграрный научный центр, г. Омск, Россия:*

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