

АНАЛИЗ ТРАНСКРИПТОМОВ ТРЕХ ЯЩЕРИЦ *DAREVSKIA*

Ряховский С.С. (Университет ИТМО)

Научный руководитель – в.н.с, к.б.н Комиссаров А.С. (Университет ИТМО)

Партеногенез - относительно редкий тип процесса полового размножения организмов. Он встречается у некоторых членистоногих, насекомых, растений и круглых червей и может развиваться из-за отдаленной гибридизацией различных геномов, способствуя более продуктивному размножению и жизнеспособности вида. Этой особенностью обладают не только примитивные организмы, но и некоторые виды позвоночных животных, в том числе несколько видов ящериц из рода *Darevskia*.

Введение. Род ящериц *Darevskia* содержит около 30 видов, 7 из которых размножаются партеногенезом. В основном обитает на лугах на высоте от 1 900 до 3 110 м над уровнем моря на Малом Кавказе, особенно в северной Армении, южной Грузии, северном Иране и восточной Турции. Ключевой особенностью рода является то, что не сколько видов (*D. armeniaca*, *D. bendimahiensis*, *D. sapphirina* and *D. Unisexualis*) размножаются без участия половых клеток с помощью партеногенеза. Для определения отличий генетического набора видов было секвенировано и собранно три транскриптома трех видов: *D.valentini* и *D.raddei* как виды с обычным типом размножения и траскриптом *D. unisexualis* как партеногенетический вид.

Основная часть. Сырые риды Illumina были обработаны такими программами, как V2_trim и rmdup для удаления адаптеров и оптических дубликатов соответственно. Полученные образцы были собраны в отдельные контиги сборщиком Trinity для дальнейшей обработки и анализа.

Полученные сборки были проаннотированы такими программами как TranceDecoder и EggNog, а также был проведен BLASTP для поиска уникальных белков. Экспрессия генов была посчитана программой futureCounts. Как известно, основным инструментом партеногенеза является мейоз, поэтому для изучения партеногенетических особенностей мы воспользовались несколькими методиками. Во-первых, был проведен BLASTX известных генов, связанных с мейозом и разных баз данных на транскриптомные сборки. Во-вторых, была посчитана экспрессия мейотических генов, взятых из аннотации EggNog. Перед сравнением особенностей полового размножения было сделано обогащение генов и сравнение их по биологическим процессов, чтобы доказать их родственность и биологическое сходство.

Выводы. При структурном анализе трехборок транскриптом *D.unisexualis* имел большее количество транскриптов и значительно преобладающее количество белков. Результаты обогащения показали сходства биологических процессов между тремя видами. Результаты BLASTX показали значительное преобладание изоформ генов (MLH1, PRDM9, Ubiquitin B) в транскриптоме *D.unisexualis*. Экспрессия отдельных генов, связанных с мейозом и гаплоидным размножением показало значительное преобладание экспрессии гена PPP2R1A, который регулирует удлинение веретена деления при анафазе I мейоза. Результаты показали, что гены MLH1, PRDM9 и PPP2R1A, регулирующие мейотические процессы преобладают в партеногенетическом виде и, следовательно, могут быть ответственны за его развитие.

Ряховский С.С. (автор)

Подпись

Комиссаров А.С. (научный руководитель)

Подпись