

Анализ пloidности партеногенетических и половых популяций рода *Artemia* на основе частот гетерозиготных к-меров по данным wgs секвенирования

Мегер Я.В.* , Лантушенко А.О., Евстигнеев М.П.

Севастопольский государственный университет, Севастополь, Россия

* yvmeger@sevsu.ru

Ключевые слова: *Artemia*; анализ пloidности; партеногенез

Мотивация и цель: Представители рода *Artemia* интересны как модельные организмы для изучения процессов адаптации к высокой солености и температуре среды обитания, а также как широко используемые в биотехнологических производствах. Одним из малоизученных вопросов для этого рода является их система размножения: встречаются как популяции двуполых, с примерно равным соотношением полов, но и партеногенетические популяции, где большинство особей женского пола. В таких популяциях редкие самцы способны спариваться с самками двуполых популяций. В результате этого образующиеся потомки представляют собой партеногенетическую популяцию, генетически изолированную от материнской. Данный механизм назван «заразным партеногенезом» и его принцип работы, как и обуславливающий его генетический материал, пока малоизучен [1]. При акте «передачи» партеногенеза зачастую образуются полиплоидные популяции, из-за чего данный признак можно использовать как маркер этого события. Применена методика определения пloidности по частотам встречаемости пропорций нуклеотидов в гетерозиготных сайтах для доступного в базе NCBI набора полногеномных данных рода *Artemia*.

Методы и алгоритмы: Для анализа использовали типичные данные wgs PE150, доступные в базе SRA NCBI и результаты собственного секвенирования геномов представителей рода *Artemia* локальных крымских популяций. Для создания базы к-меров по прочтениям использовали алгоритм FastK [2], выделение гетерозиготных пар проводили в PloidyPlot, анализ частот пропорций и визуализация – в Smudgeplot [3].

Результаты: Так как при анализе осуществляется отделение ядерных прочтений от ошибочных и митохондриальных по их частоте встречаемости, вполне ожидаемо разрешающая способность метода напрямую зависит от величины и равномерности покрытия секвенируемого генома. Статистически был определен нижний предел, после которого данных для анализа недостаточно. На основании проведенного исследования выявлены диплоидные и полиплоидные особи, полученные результаты сопоставлены с морфологическими данными.

Заключение: Примененная методика позволила для представителей рода *Artemia* оценить пloidность по данным полногеномного секвенирования. Результаты планируется использовать после их выборочной валидации с помощью кариотипирования в качестве фенотипических данных для GWAS с целью поиска участков, ассоциированных с передачей партеногенеза, что в последующих исследованиях может помочь в определении механизма передачи и границ такой передачи в природе.

Финансирование: Работа выполнена в рамках госзадания «Фотобиофизический мониторинг окружающей среды на основе спектрально-флуоресцентных свойств структурно-организованных молекулярных (включая наночастицы) и супрамолекулярных биологически важных систем», № FEFM-2023-0005.