

# >>A BOY OR A GIRL, *DAPHNIA*-STYLE

## Идентификация генов, ответственных за определение пола у *Daphnia magna* IDENTIFICATION OF GENES RESPONSIBLE FOR SEX DETERMINATION IN *DAPHNIA magna*

### INTRODUCTION

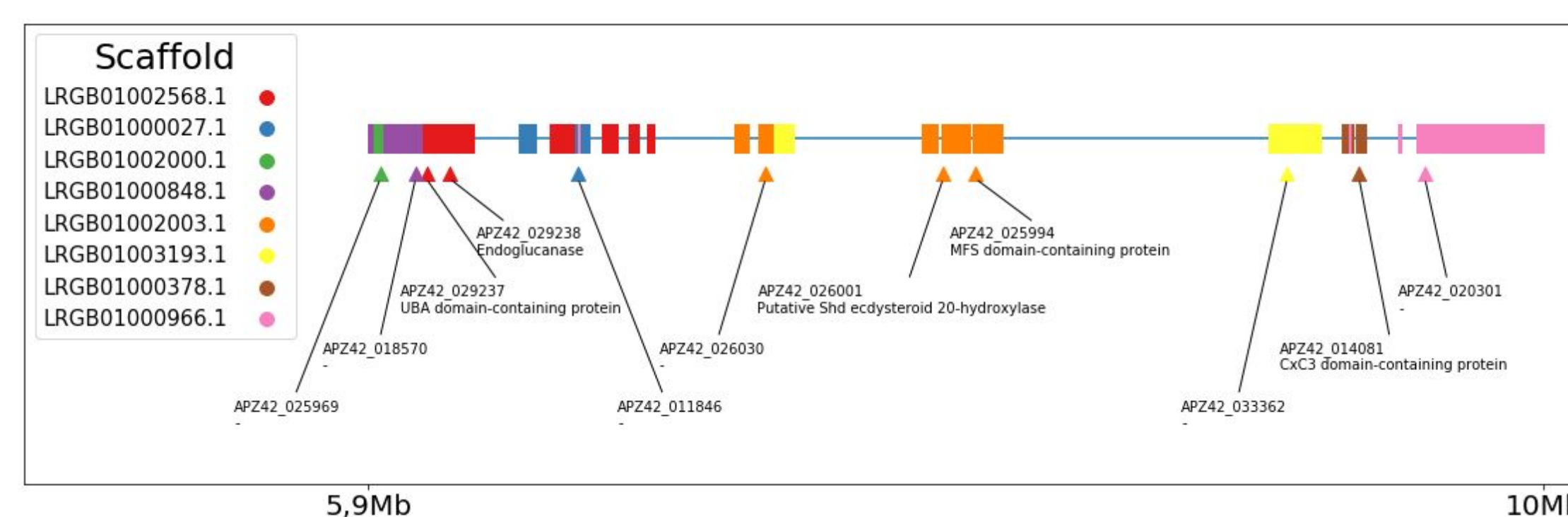
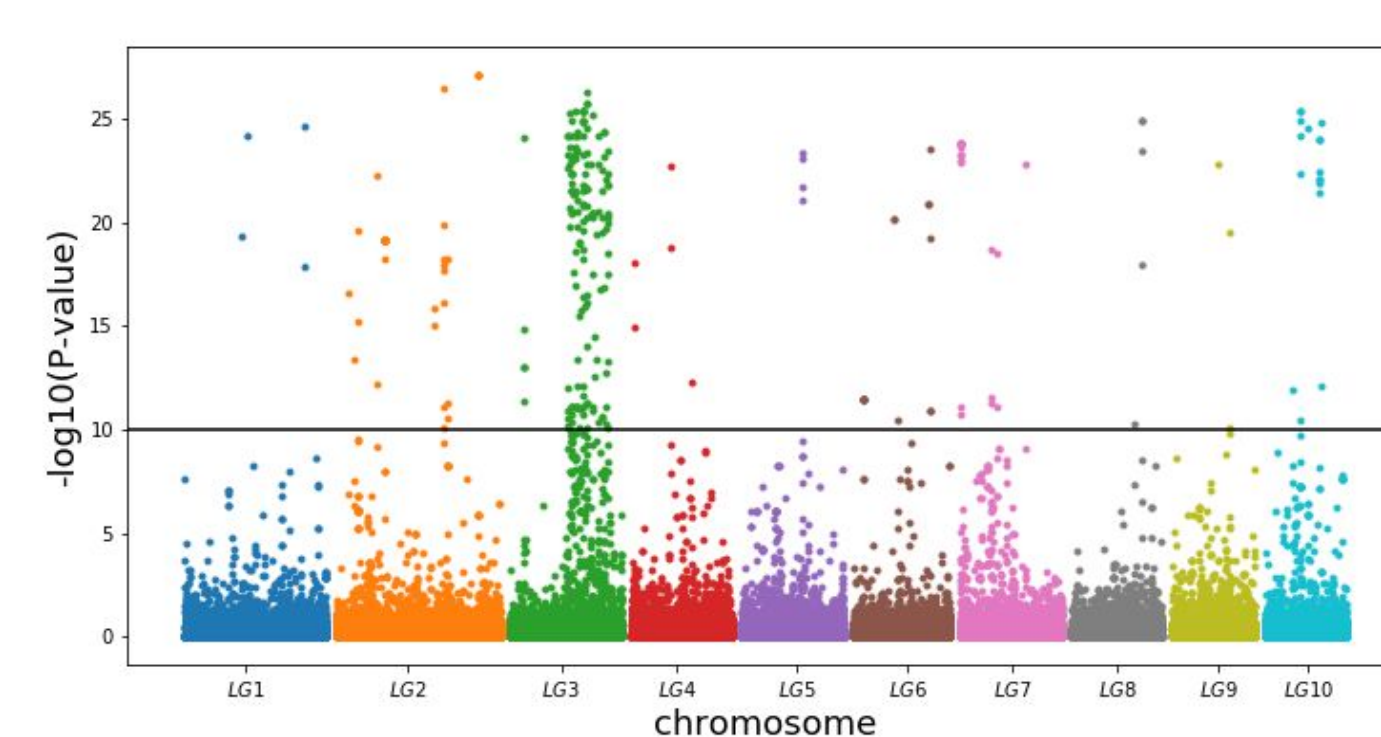
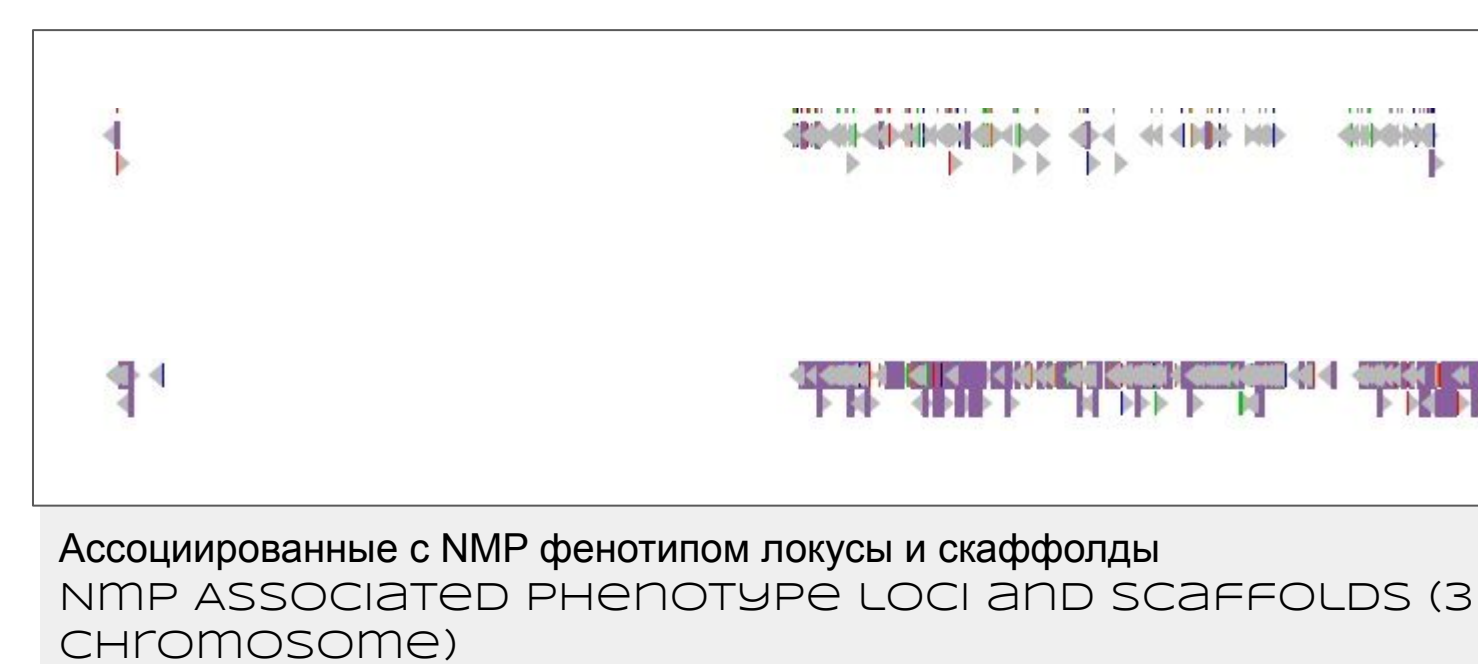
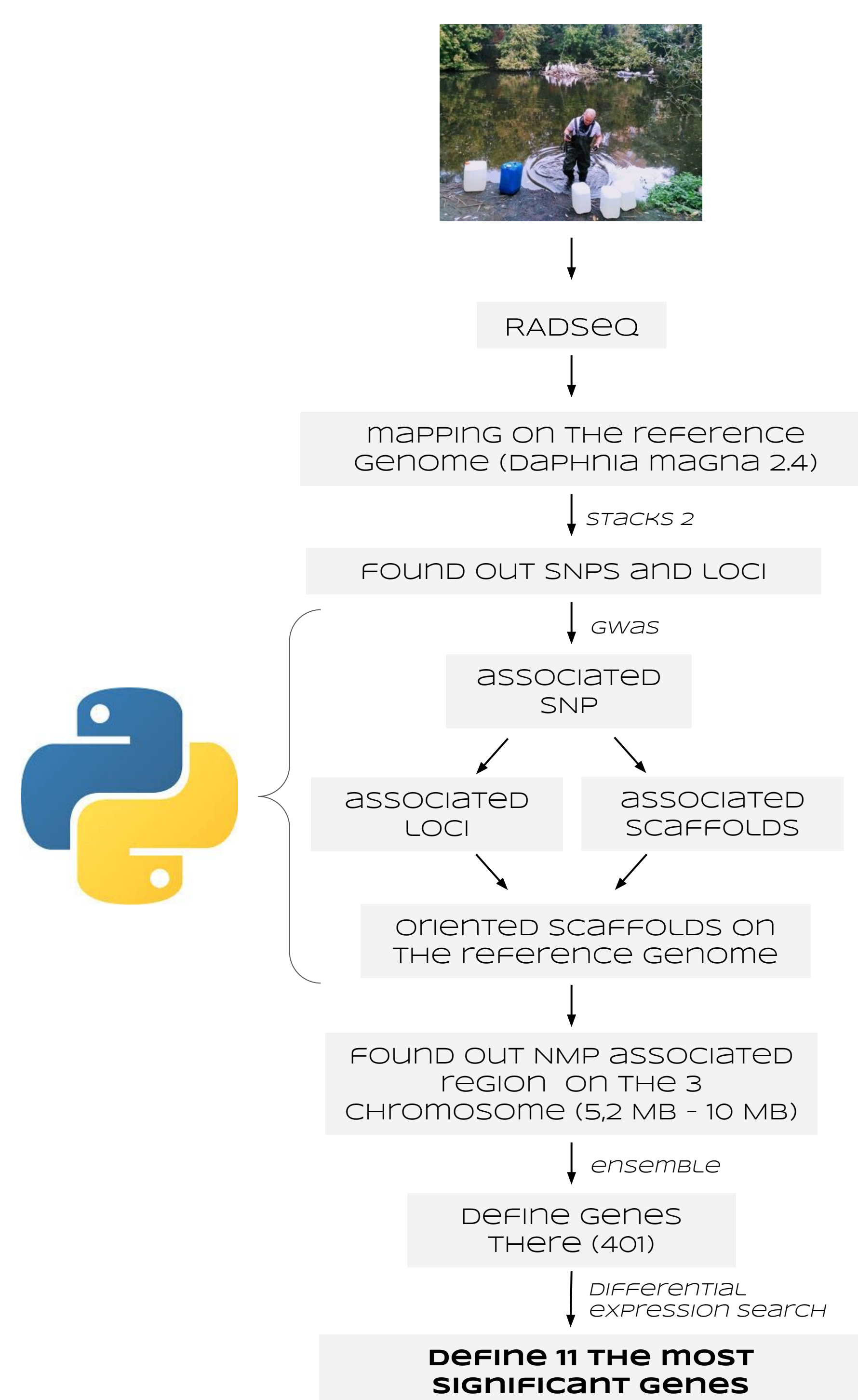
Считается, что генетическое определение пола (GSD) появляется в процессе эволюции из средового определения пола (ESD). Для изучения ранних механизмов, связанных с переходом от ESD (male-producer (MP) фенотип) к GSD (nonmale-producer (NMP) фенотип), подходят животные, обладающие смешанным определением пола, например, *Daphnia magna*.

Genetic sex determination (GSD) is thought to evolve from environmental sex determination (ESD). Animals with mixed sex determination, for example, *Daphnia magna*, are a good subject to study early events associated with the transition from ESD (male-producer (MP) phenotype) to GSD (nonmale-producer (NMP) phenotype) mechanisms.

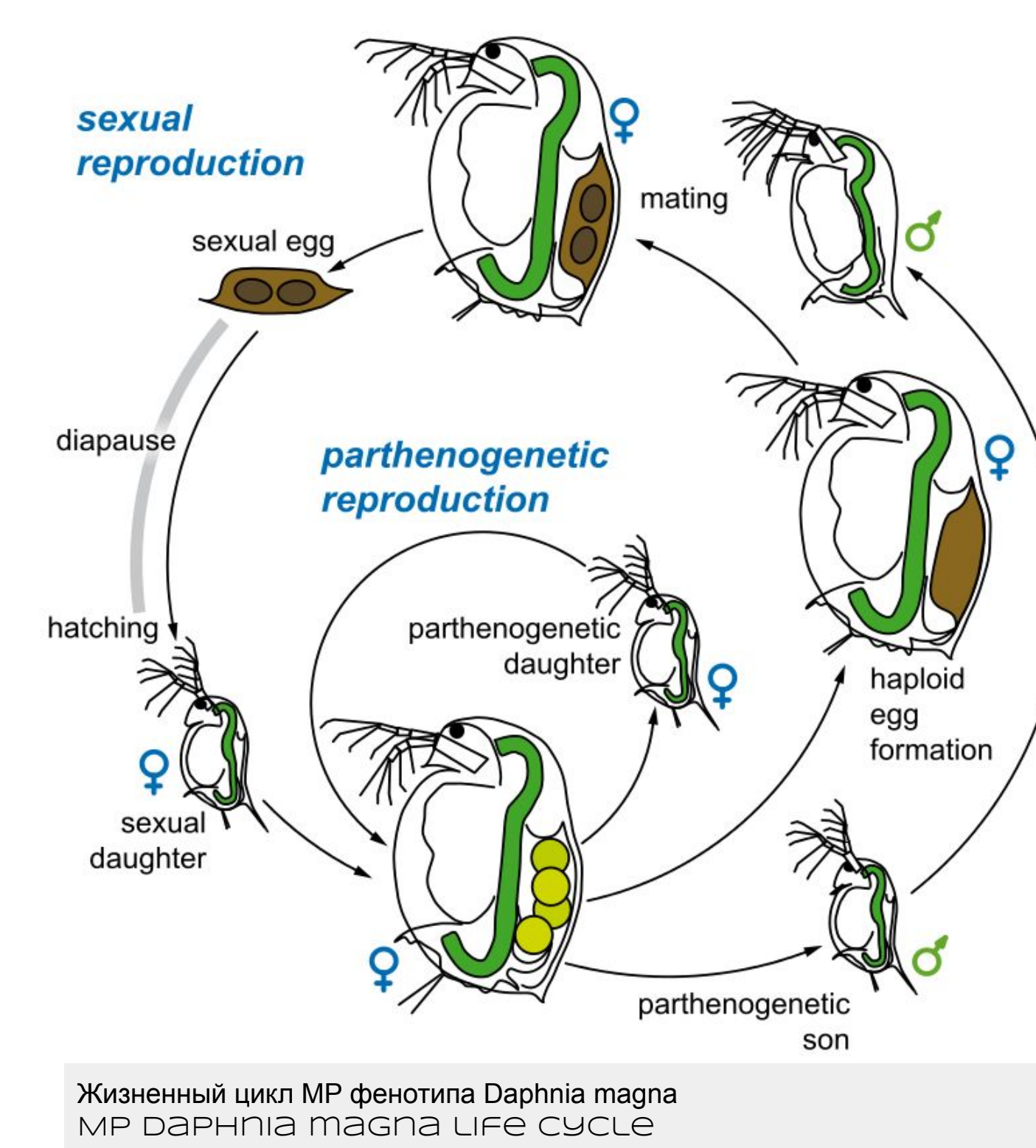
### AIMS

- Найти SNPs (однонуклеотидные полиморфизмы), ассоциированные с NMP/MP фенотипами
- Воссоздать область хромосомы, содержащую большинство найденных SNPs, с помощью картирования на референсный геном
- Выбрать гены в ограниченной области
- Выбрать кандидатные гены, дифференциально экспрессирующиеся в фенотипах NMP/MP
- FIND SNPS (SINGLE NUCLEOTIDE POLYMORFHISM) ASSOCIATED WITH NMP/MP PHENOTYPES
- RECONSTRUCT CHROMOSOMAL LOCI CONTAINING THE MAJORITY OF FOUND SNPS BY MAPPING TO THE REFERENCE GENOME
- SELECT CANDIDATE GENES IN THESE LOCI
- IDENTIFY CANDIDATE GENES DIFFERENTIALLY EXPRESSED IN PHENOTYPES NMP/MP

### METHODS



Наиболее значимые гены и их позиция на хромосоме. THE MOST SIGNIFICANT GENES AND THEIR CHROMOSOME POSITION.



	inside	OUTSIDE
SNP	197	93
LOCI	109	93
SCAFFOLD	56	38

Количество ассоциированных SNP, локусов и скаффолдов. THE AMOUNT OF ASSOCIATED SNP, LOCI AND SCAFFOLDS.

### CONCLUSIONS AND PERSPECTIVES

- Было найдено 290 SNPs, ассоциированных с NMP/MP фенотипами
- Большинство ассоциированных SNPs лежат в перичентромерной области хромосомы 3 (от 5.9 Мб до 10 Мб)
- В NMP области был обнаружен 401 ген
- С помощью данных о дифференциальной экспрессии было отобрано 11 кандидатных генов
- WE FOUND 290 SNPS ASSOCIATED WITH THE NMP/MP PHENOTYPES
- THE MOST ASSOCIATED SNPS IS FROM 5.9 MB TO 10 MB PERI-CENTROMERIC REGION OF CHROMOSOME 3
- THE NMP REGION COMPRISES 401 GENES
- OF THESE 11 GENES ARE DIFFERENTIALLY EXPRESSED IN THE NMP AND MP *DAPHNIAS*

### REFERENCES

- [HTTPS://ACADEMIC.OUP.COM/MBE/ARTICLE/34/3/575/2632624\(SUPPLEMENTARY MATERIAL\)](https://academic.oup.com/mbe/article/34/3/575/2632624)
- [HTTP://METAZOA.ENSEMBL.ORG/INDEX.HTML](http://metazoa.ensembl.org/index.html)
- [HTTPS://WWW.NCBI.NLM.NIH.GOV](https://www.ncbi.nlm.nih.gov)
- [HTTPS://WWW.UNIPROT.ORG](https://www.uniprot.org)

