



## Введение/Introduction

Тип Porifera - одна из первых ветвей Metazoa, поэтому анализ геномов представителей Porifera является важной эволюционной задачей. При изучении карты геномных взаимодействий *Petrosia ficiformis* методом Hi-C мы обнаружили отсутствие теломерных взаимодействий у первых трёх хромосом, для которых мы провели сравнительное исследование генов.

Porifera are one of the first branches of Metazoa, therefore genome analysis of Porifera representatives is an important task in evolutionary biology. When studying the genomic interactions of *Petrosia ficiformis* using Hi-C, the absence of telomeric interactions in the first three chromosomes was found, so we performed a comparative genomic study for them.

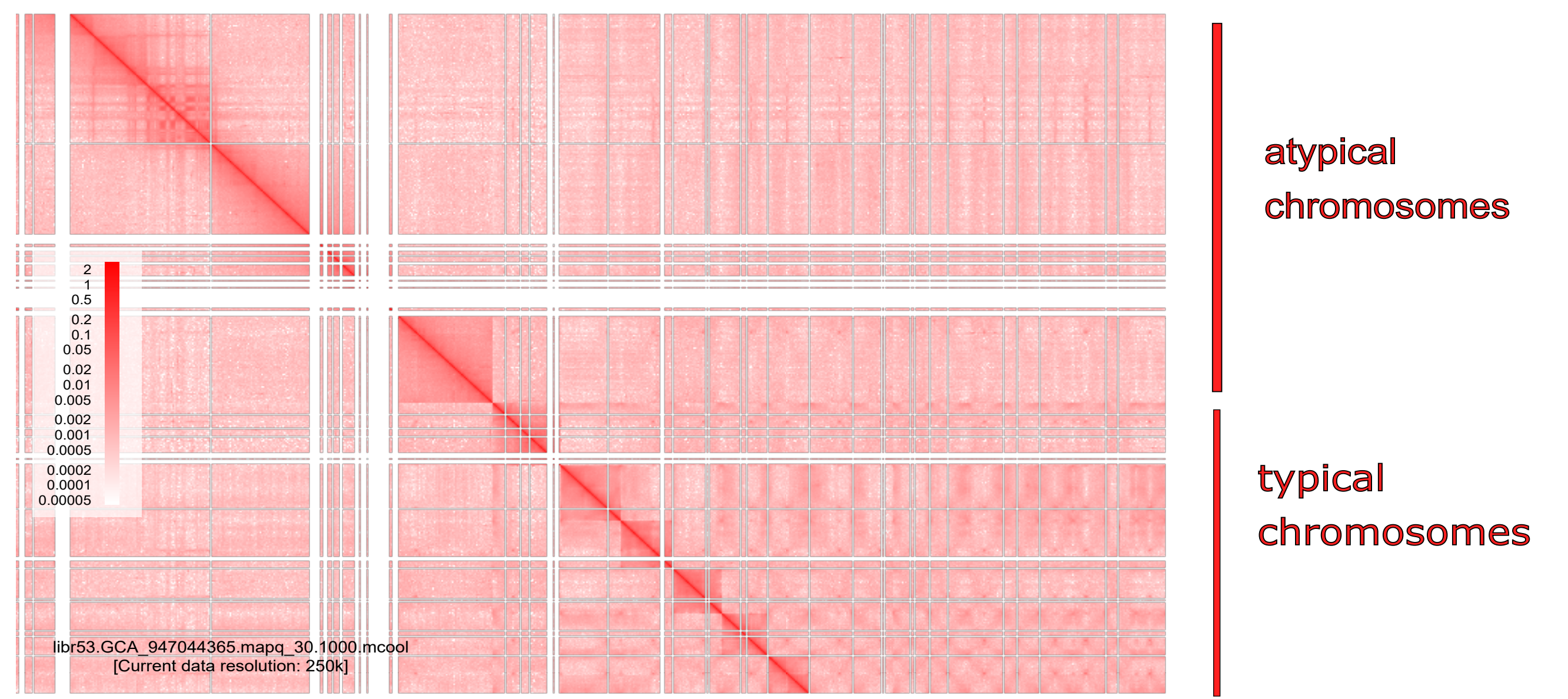


fig.1. *Petrosia ficiformis* contact map



fig.2. *Petrosia ficiformis* photographed in the sea

## Методы/Methods

1. blast
2. Hi-C
3. Python: pandas, BioFrame, numpy, seaborn,
4. bedtools
5. NCBI

## Результаты/Results

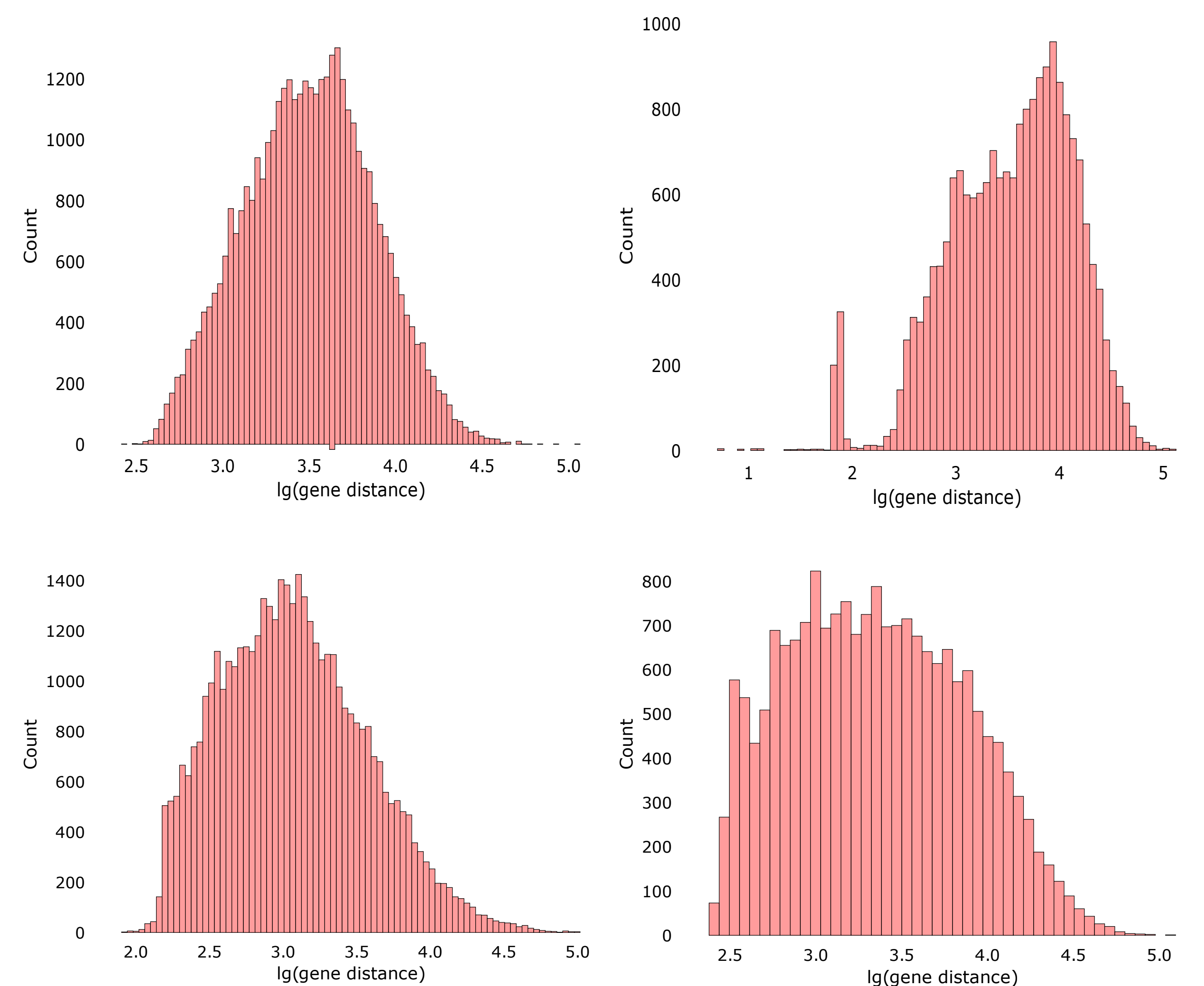


fig.3. Gene length distributions for *Ephydatia muelleri*, *Halisarca dujardini*, *Amphimedon queenslandica*, *Petrosia ficiformis*

Мы проанализировали геном *Petrosia ficiformis*, сравнили его с геномами прочих представителей типа Porifera, используя нуклеотидный BLAST. На основании полученных результатов был произведен подсчет количества генов, обнаруженных у близкородственных видов (рис. 4).

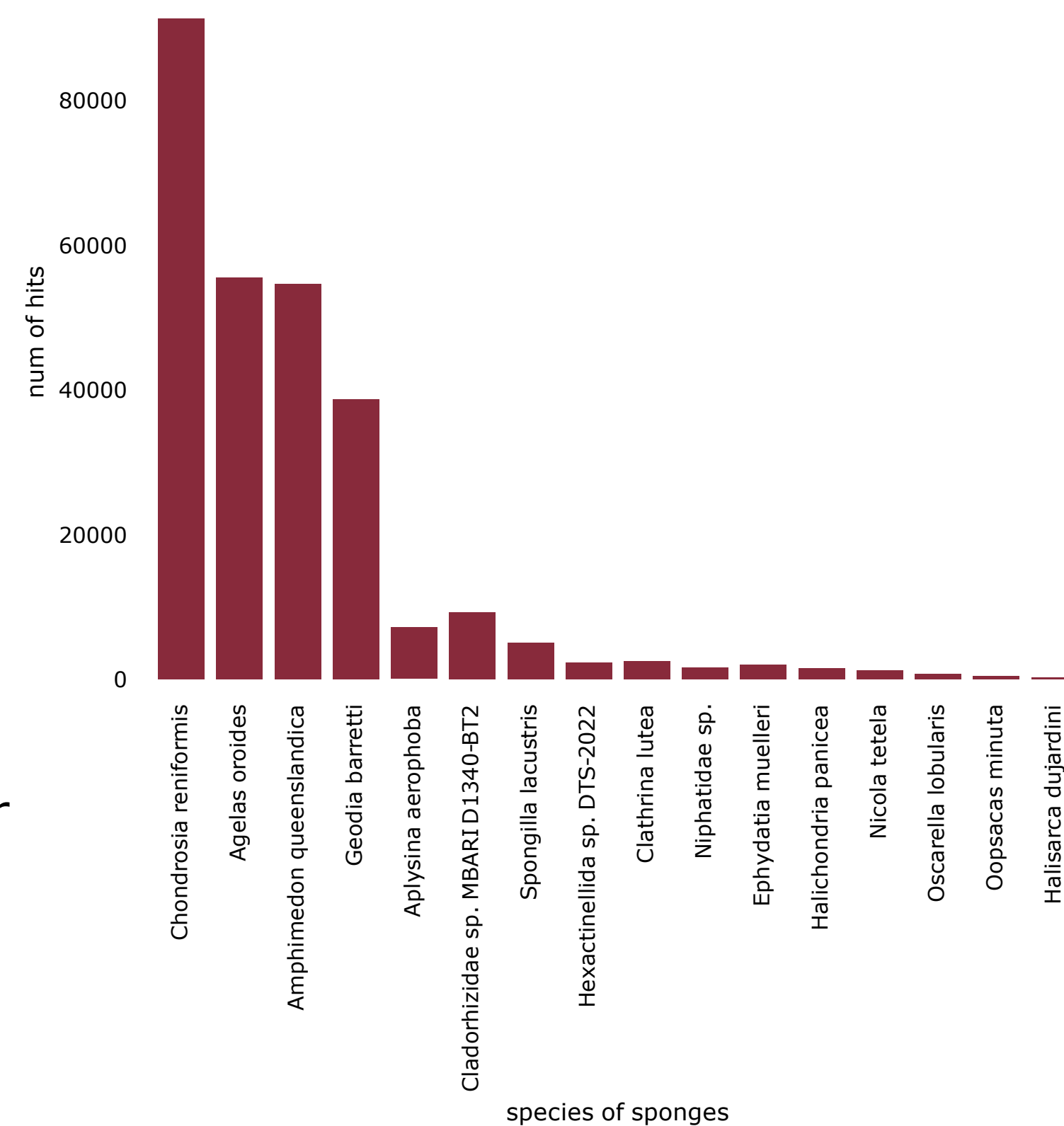


fig.4. Barplots for number of genes

The genome of *Petrosia ficiformis* was compared with the genomes of other Porifera representatives using BLASTN. Based on the results obtained, the number of genes found in closely related species was calculated (fig. 4).

Также были посчитаны доли генов на атипичных хромосомах, обнаруженных у близкородственных видов (рис. 5). Из полученно графика видно, что доли для большинства близкородственных видов близки к 0,5. При этом есть 4 вида, для которых большинство найденных генов находятся на типичных хромосомах, однако суммарное количество генов, найденных в этих видах невелико (рис. 4). Таким образом, на данном этапе нашего анализа значительных различий между атипичными и типичными не наблюдалось.

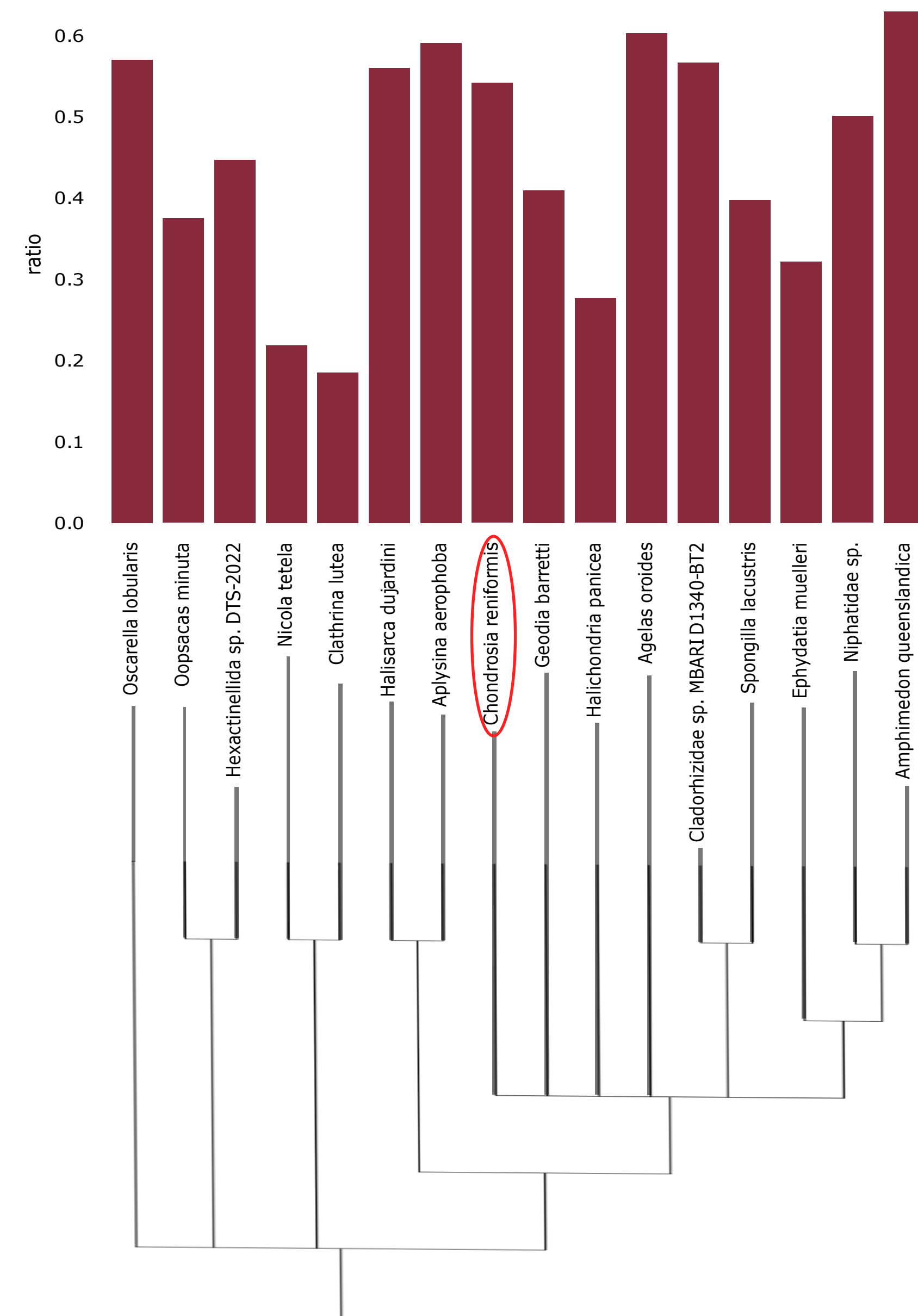


fig.5. Barplot for the ratio of genes from atypical chromosomes

We also calculated the proportions of genes on atypical chromosomes found in closely related species (fig. 5). As the result the proportions for most closely related species are close to 0.5. At the same time, there are 4 species for which most of the genes found are on typical chromosomes, but the total number of genes found in these species is small (fig. 4). Therefore, at this stage of our analysis, no significant differences between atypical and typical were observed.

<i>Petrosia ficiformis</i>	13	20	33	34	45	46	39	51	37	44	61	49	78
OX345636.1	83	20	33	34	45	46	39	51	37	44	61	49	78
OX345637.1	125	28	50	47	66	75	68	80	52	70	95	77	133
OX345639.1	105	25	34	42	51	56	43	54	47	57	80	63	83
OX345638.1	76	15	28	28	37	43	33	38	31	36	56	42	72
OX345641.1	7	41	9	17	18	23	27	26	33	20	28	35	56
OX345640.1	99	19	35	32	43	53	50	54	33	45	70	59	101
OX345642.1	7	38	6	14	15	23	28	22	30	12	21	33	51
OX345644.1	92	21	39	37	48	48	42	56	42	49	64	53	85
OX345648.1	13	40	17	23	17	30	31	32	43	12	25	38	79
OX345649.1	7	40	10	23	22	33	28	25	35	19	27	31	50
OX345643.1	5	35	9	11	15	19	14	10	10	18	16	26	21
OX345645.1	117	23	44	41	59	68	59	75	49	62	88	65	124
OX345650.1	5	31	9	11	9	17	19	21	27	11	16	21	46
OX345646.1	8	49	14	31	24	33	30	25	30	28	29	30	41
OX345647.1	8	54	15	23	22	29	34	29	42	28	29	46	59
OX345652.1	24	135	34	55	53	67	78	58	75	60	70	93	137
OX345651.1	12	71	17	28	31	38	41	35	47	27	39	57	78
OX345653.1	12	70	18	26	29	36	37	28	40	29	38	49	65
OX359189.1													
OX359190.1													
OX359191.1													
OX359192.1													
OX359193.1													
OX359194.1													
OX359195.1													
OX359196.1													
OX359197.1													
OX359198.1													
OX359199.1													
OX359200.1													
OX359201.1													
OX359202.1													

fig.6. heat map for the adjusted number of hits for each pair of chromosom in *Petrosia ficiformis* and *Chondrosia reniformis*

Мы провели реципрокный BLAST *Petrosia ficiformis* на соответствие геномам других представителей Porifera. Наибольшее количество находок соответствует *Chondrosia reniformis*, которая, как предполагалось, является дальним родственником *P. ficiformis*. После подсчета количества обнаруженных генов для каждой пары хромосом у *Petrosia ficiformis* и *Chondrosia reniformis*, были найдены хромосомы с наибольшими значениями (рис. 6). В дальнейшем мы планируем провести поиск синтений для них.

We performed reciprocal best hit BLAST analysis of *Petrosia ficiformis* against genomes of other Porifera representatives. The largest number of hits corresponds to *Chondrosia reniformis*, which has been assumed to be a distant relative of *P. ficiformis*. After adjusting for the number of detected genes for each pair of chromosomes in *Petrosia ficiformis* and *Chondrosia reniformis*, we found out the chromosomes with the highest values (fig. 6). In the future, we plan to search for syntenes for them.