

«Создание веб-приложения для поиска гомологов транскриптов и белков у байкальских эндемичных амфипод с возможностью количественного анализа экспрессии»

А.Д. Мутин

Аннотация. Озеро Байкал — это одно из древнейших озер на планете с уникальным комплексом гидрохимических свойств. Одной из наиболее значимых, для изучения, групп байкальских гидробионтов являются амфиподы.

Интерес к изучению байкальских амфипод на молекулярном и генетическом уровне, с одной стороны, несет фундаментальный характер и заключается в анализе влияния антропогенных и климатических изменений среды на амфипод. На данный момент известны исследования влияния температуры среды и токсикантов на экспрессию генов байкальских амфипод (Shatilina et al., 2019; Drozdova et al., 2019). С другой стороны, в настоящий момент развивается интерес вокруг биотехнологического потенциала байкальских амфипод, а именно исследования их адаптивных механизмов, в частности, к низкой температуре. Например, актуальным представляется поиск ферментов с низкой потребностью в тепловой энергии для активации эффективного катализа. Белковые катализаторы с подобными свойствами могут быть использованы в промышленности для увеличения экономической выгоды производства посредством снижения энергетических затрат.

Подобные исследования нуждаются в наличии удобного и комплексного инструмента для анализа доступных транскриптомов байкальских амфипод, в частности для поиска в них гомологов транскриптов и белков, чьи функции известны у других организмов, а также для сопутствующей количественной оценки экспрессии. Однако, в настоящий момент подобный анализ подразумевает обработку разрозненных транскриптомных данных, что в свою очередь является трудоемким процессом и требует дополнительных биоинформатических навыков для выполнения этой задачи.