



ГЕНОМИКА
И БИОТЕХНОЛОГИЯ
МИКРООРГАНИЗМОВ

ГЕНОМИКА И БИОТЕХНОЛОГИЯ МИКРООРГАНИЗМОВ

*Всероссийская научная
молодежная конференция*

**Владивосток,
19–23 сентября 2022**

Тезисы докладов

Министерство науки и высшего образования Российской Федерации
Федеральное государственное бюджетное учреждение науки
Тихоокеанский институт биоорганической химии им. Г. Б. Елякова
Дальневосточного отделения Российской академии наук
(ТИБОХ ДВО РАН)



ГЕНОМИКА
И БИОТЕХНОЛОГИЯ
МИКРООРГАНИЗМОВ

ГЕНОМИКА И БИОТЕХНОЛОГИЯ МИКРООРГАНИЗМОВ

Всероссийская научная
молодежная конференция

*Владивосток
19–23 сентября 2022 г.*

Тезисы докладов

Владивосток



2022

© Оформление. ФГАОУ ВО ДВФУ, 2022

ISBN 978-5-7444-5358-9

УДК 579:60(082)

ББК 28.07я43 + 28.4я43

Мероприятие проведено при финансовой поддержке Министерства науки и высшего образования РФ в рамках реализации отдельных мероприятий Федеральной научно-технической программы развития генетических технологий на 2019–2027 годы по соглашению № 075-15-2021-1052 от 29.09.2021 г.

Организационный комитет выражает благодарность за оказанную поддержку Дальневосточному федеральному университету и ООО «Биолабмикс».

Геномика и биотехнология микроорганизмов. Всероссийская научная молодежная конференция, Владивосток, 19–23 сентября 2022 г. : тезисы докладов / ТИБОХ ДВО РАН. – Владивосток : Издательство Дальневосточного федерального университета, 2022. – [80 с.]. – ISBN 978-5-7444-5358-9. – DOI <https://doi.org/10.24866/7444-5358-9>. – URL: <https://www.dvfu.ru/science/publishing-activities/catalogue-of-books-fefu/>. – Дата публикации: 11.10.2022. – Текст. Изображение : электронные.

Сборник включает материалы пленарных лекций ведущих ученых, устных и стендовых докладов студентов, аспирантов и молодых специалистов, представленные на Всероссийской научной молодежной конференции «Геномика и биотехнология микроорганизмов». Тематика представленных докладов охватывает актуальные разделы микробиологии, биохимии, биологии и биотехнологии.

Материалы рассчитаны для студентов, аспирантов, научных сотрудников и специалистов в области микробиологии и биотехнологии.

Текстовое электронное издание

Минимальные системные требования:

Веб-браузер Internet Explorer версии 6.0 или выше,
Opera версии 7.0 или выше, Google Chrome версии 3.0 или выше.

Компьютер с доступом к сети Интернет.

Минимальные требования к конфигурации и операционной системе компьютера определяются требованиями перечисленных выше программных продуктов.

Размещено на сайте 11.10.2022 г.

Объем 7,10 Мб

Дальневосточный федеральный университет
690922, Приморский край, г. Владивосток, о. Русский, п. Аякс, 10.

E-mail: prudkoglyad.sa@dvfu.ru

Тел.: 8 (423) 226-54-43

© Оформление. ФГАОУ ВО ДВФУ, 2022

Протокол анализа данных UCE секвенирования для дублицированных геномов

Е. А. Тельная¹, А. А. Семенченко², Д. А. Танадбаева², К. А. Винников^{1,2}

¹Научно-технологический университет «Сириус», Сочи

²Дальневосточный федеральный университет, Владивосток

Электронная почта: vinnikov.ka@dvfu.ru

В настоящей работе мы предлагаем протокол точной диагностики единичных нуклеотидных полиморфизмов (SNPs) для многократно дублицированных геномов на основе данных геномного секвенирования ультраконсервативных элементов ДНК (UCE-секвенирование). В качестве примера мы использовали данные UCE-секвенирования ДНК нескольких видов хариусовых рыб (Salmoniformes: Thymallidae) на платформе Ion S5 (Thermo Fisher Scientific). Геном хариусовых рыб эволюционно дублицировался 4х-кратно, как у большинства лососеобразных, так и более раз. Использование стандартных подходов сборки последовательностей, содержащих ультраконсервативные элементы на дублицированных хромосомах, приводит к выявлению большого количества ложноположительных SNPs. Поэтому для корректной сборки последовательностей UCE в дублицированных геномах нами предложен оригинальный способ решения проблемы выявления и анализа паралогов.

После получения сырых данных UCE секвенирования по шести видам хариусовых рыб было выбрано несколько модельных UCE для выявления отличий между дублицированными хромосомами. На основе имеющегося референсного генома европейского хариуса [1] было выбрано три UCE, имеющих уникальные положения в геноме, и четыре UCE, имеющих не менее четырех паралогов, и один UCE, имеющий не менее трех паралогов. Посредством выравнивания паралогичных участков в MAFFT мы определили степень сходства между дублицированными парами хромосом и построили карты соответствующих нуклеотидных замен.

Тем не менее, референсная сборка UCE показала невозможность точного выявления паралогов за счет сильной вариабельности между количеством паралогов в референсном геноме и в исследуемых видах, что было наглядно показано при выравнивании коротких последовательностей на референс с помощью BWA и анализа геномов в IGV. Поэтому мы использовали методы *de novo* сборки чтений, смешанных в единый пул для всех видов, в ассемблерах SPADES и Trinity. При использовании Trinity качество сборки всегда получалось гораздо выше, чем в SPADES. Далее, производилось аннотирование каждой полученной сборки с помощью известных последовательностей UCE через BLASTn, во время которого для каждого UCE была выявлена или одна последовательность контига или его несколько изоформ. С помощью программы CD-HIT полученные изоформы контигов с UCE были сгруппированы в кластеры, которые затем пересобирались в CAP3. В итоге наш протокол позволил получить количество контигов, точно соответствующее количеству хромосом в модельных UCE. Далее на контиги происходило выравнивание коротких чтений для каждого отдельного вида. Исправление неизбежных ошибок выравнивания коротких чтений и сам поиск SNPs при наличии паралогов в геноме были реализованы в пользовательском скрипте на языке Python3.

Ссылки:

1. Sävilammi T. et al. // G3 (Bethesda). 2019. V. 9, № 5. P. 1283-1294.