Сборка de novo транскриптомов органов иммунной системы рыб

Емельянов С.Р. [1]*, Васина В.М. [1], Кутырев И.А. [1,2]

[1] *Восточно-Сибирский государственный университет технологий и управления, Улан-Удэ, Россия*

[2] *Институт общей и экспериментальной биологии СО РАН, Улан-Удэ, Россия*

Цель и задачи исследования

Изучение и анализ транскриптомов органов иммунной системы рыб с целью выявления ключевых генов и молекулярных путей, участвующих в иммунном ответе, а также понимания эволюционных механизмов адаптации рыб к различным патогенам.

Задачи:

- Выявление уникальных и общих генов: Путем сравнительного анализа транскриптомов различных органов иммунной системы рыб необходимо определить гены, которые являются уникальными для определенных органов и гены, которые общие для всех органов. Это поможет понять, какие гены специфичны для определенных функций органов и как они координируются в работе иммунной системы рыб.

- 2. Изучение генных сетей и иммунных путей: Анализ транскриптомов позволяет идентифицировать гены, которые взаимодействуют друг с другом и вовлечены в образование иммунных путей. Целью исследования является определение основных генных сетей и иммунных путей, которые регулируют иммунные процессы у рыб.

- 3. Определение молекулярных маркеров и биомаркеров: Анализ транскриптомов позволяет идентифицировать гены, которые можно использовать в качестве молекулярных маркеров и биомаркеров для оценки активности и состояния иммунной системы рыб.

Материалы и методы исследования

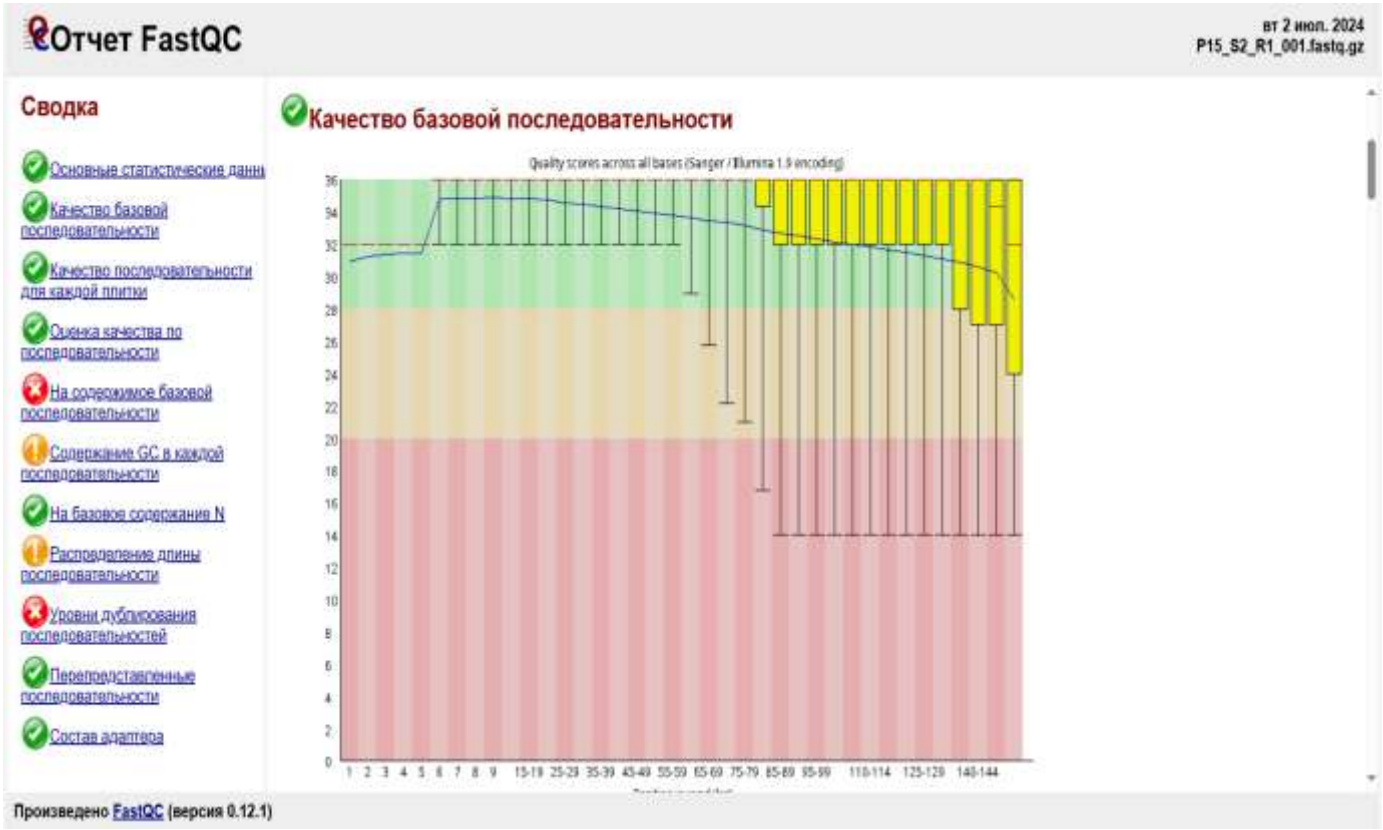
Объект исследования: Транскриптом, головного отдела почек взрослых особей Байкальского омуля (*Coregonus migratorius*).

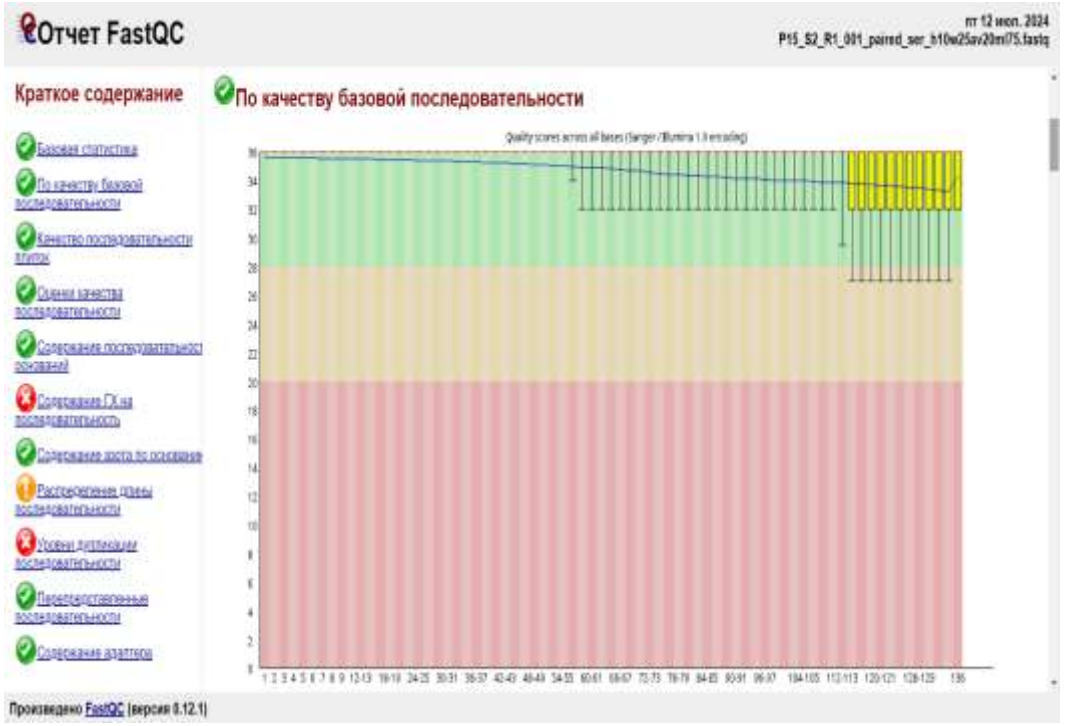
Метод исследования: Секвенирование — это процесс определения последовательности нуклеотидов в молекуле ДНК или РНК. NGS, или next generation sequencing, — секвенирование нового поколения. Термин означает определение нуклеотидной последовательности (исследование первичной структуры) ДНК или РНК. Необходимость разработки NGS была обусловлена стремлением к автоматизации анализа, увеличению объема получаемой информации и снижению стоимости исследования. Принцип технологии NGS основан на массовом одновременном секвенировании тысяч фрагментов ДНК на базе подготовленных однонитевых библиотек.

Результаты исследования

С помощью программы FastQC была проведена оценка качества ридов, представленная в виде графиков. Анализ показал, что в результате секвенирования было прочитано 33 774 330 млн. последовательностей.

Далее необходимо было отфильтровать, нуклеотидные последовательности, при помощи программы Trimmomatic. После фильтрации осталось 21 409 005 млн. последовательностей, обладающих хорошими показателями качества, которые будут использованы для дальнейшей сборки de novo транскриптома и идентификации иммунокомпетентных генов и предсказания кодируемых ими белков.



Заключение

Результаты работы будут использованы в дальнейшем для идентификации в головной почке – органе иммунной системы байкальского омуля, - белков, обладающих иммунномодулирующими свойствами – перспективного сырья для получения компонентов или продуктов функционального назначения.