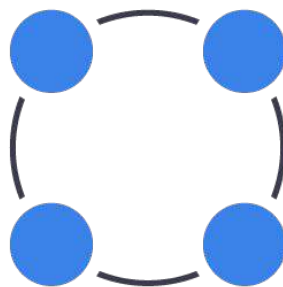
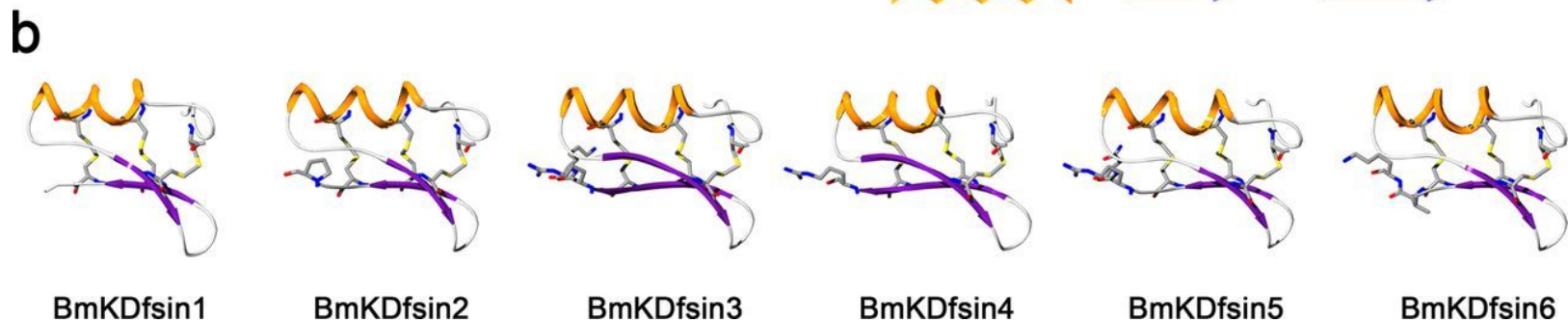
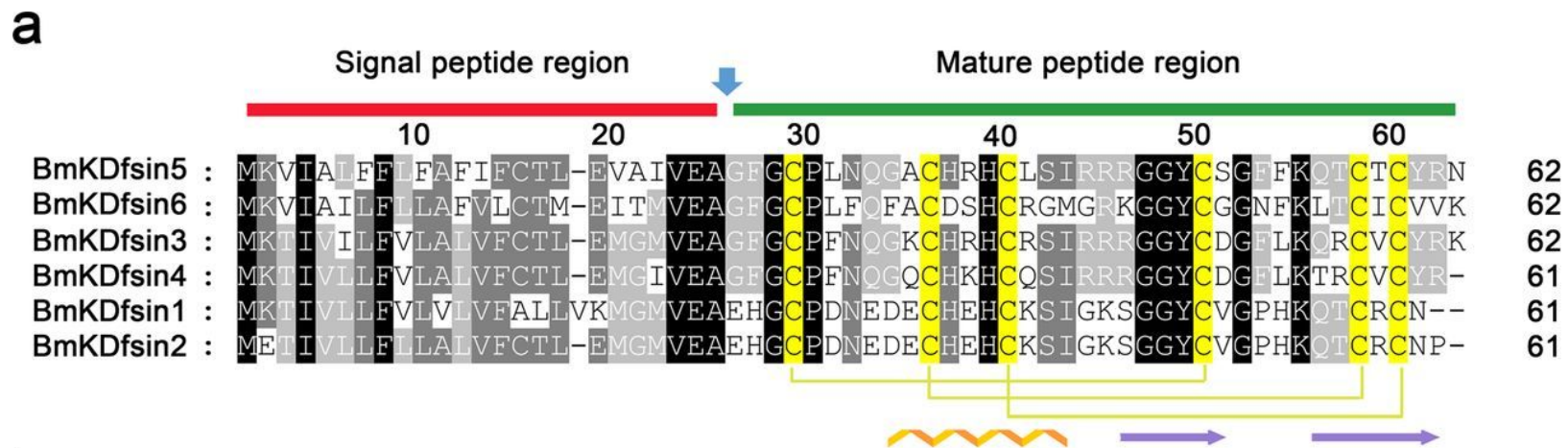


“Предсказание антимикробных пептидов с помощью данных транскриптома немодельного вида”



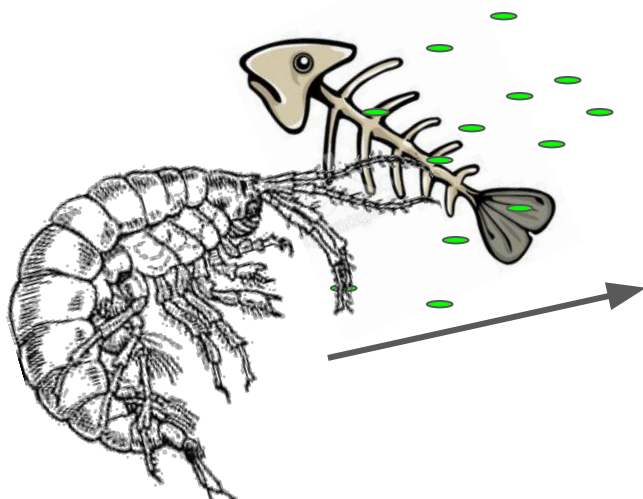
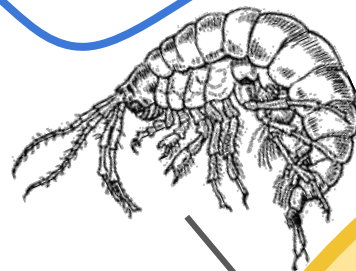
Выполнила: Бабкина Ирина, СПбГУ
Научный руководитель: Дроздова Полина, ИГУ

Антимикробные пептиды - антибиотики животного происхождения



Немодельный объект - гаммарус

ОЗ. БАЙКАЛ



Ommatogammarus flavus

- эврибионтный
- питание падалью

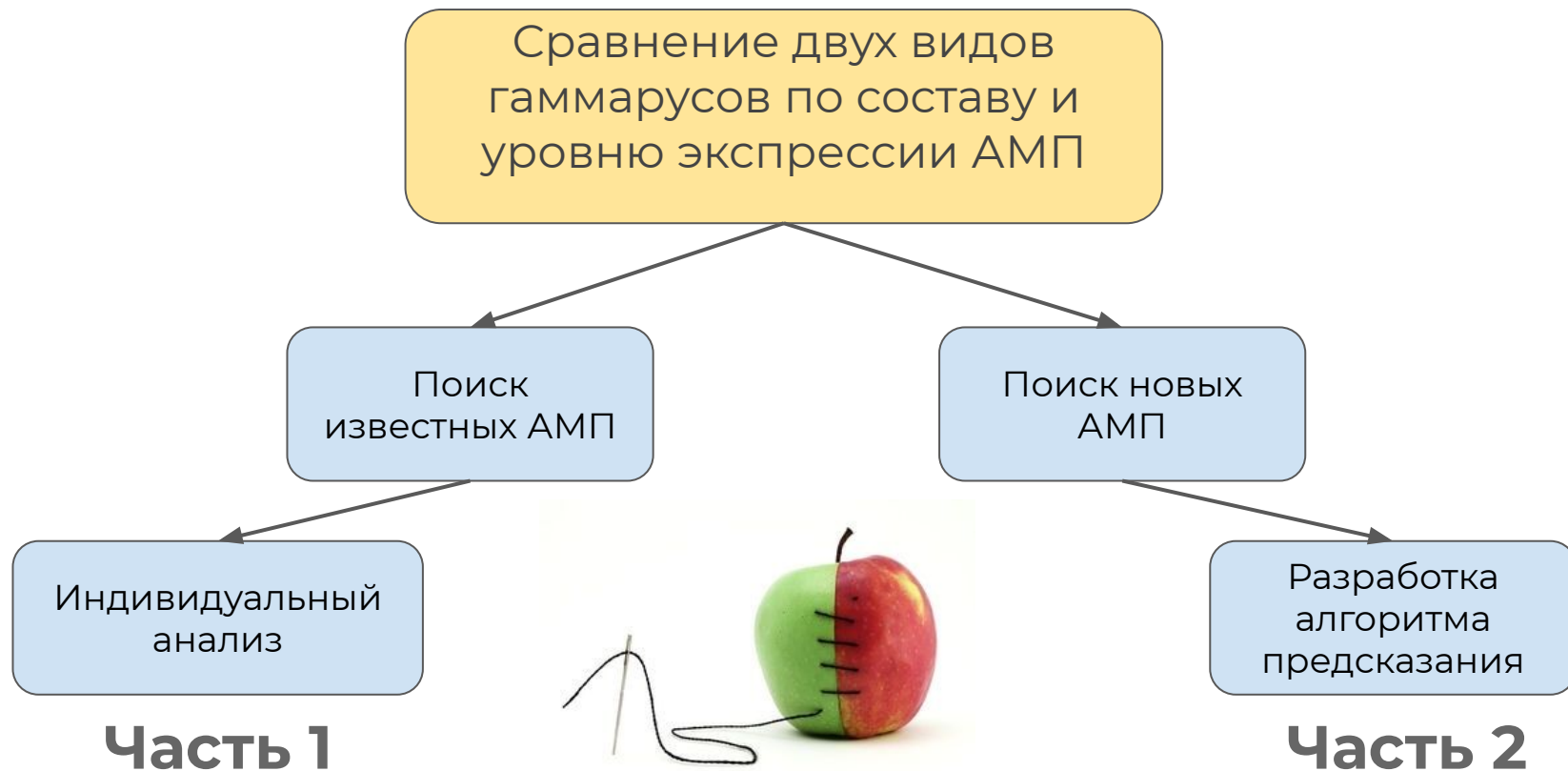
● МНОГО АМП

Eulimnogammarus verrucosus

- литоральный
- питание детритом

● МАЛО АМП

Цель и задачи: программа “maximum”



В прошлой серии детективной истории...

1. Сборка двух транскриптомов de novo (Trinity)
2. Аннотация двух транскриптомов
3. Сборка базы данных АМП (Diamond)
4. Поиск BLAST среди известных АМП (blastp -short)

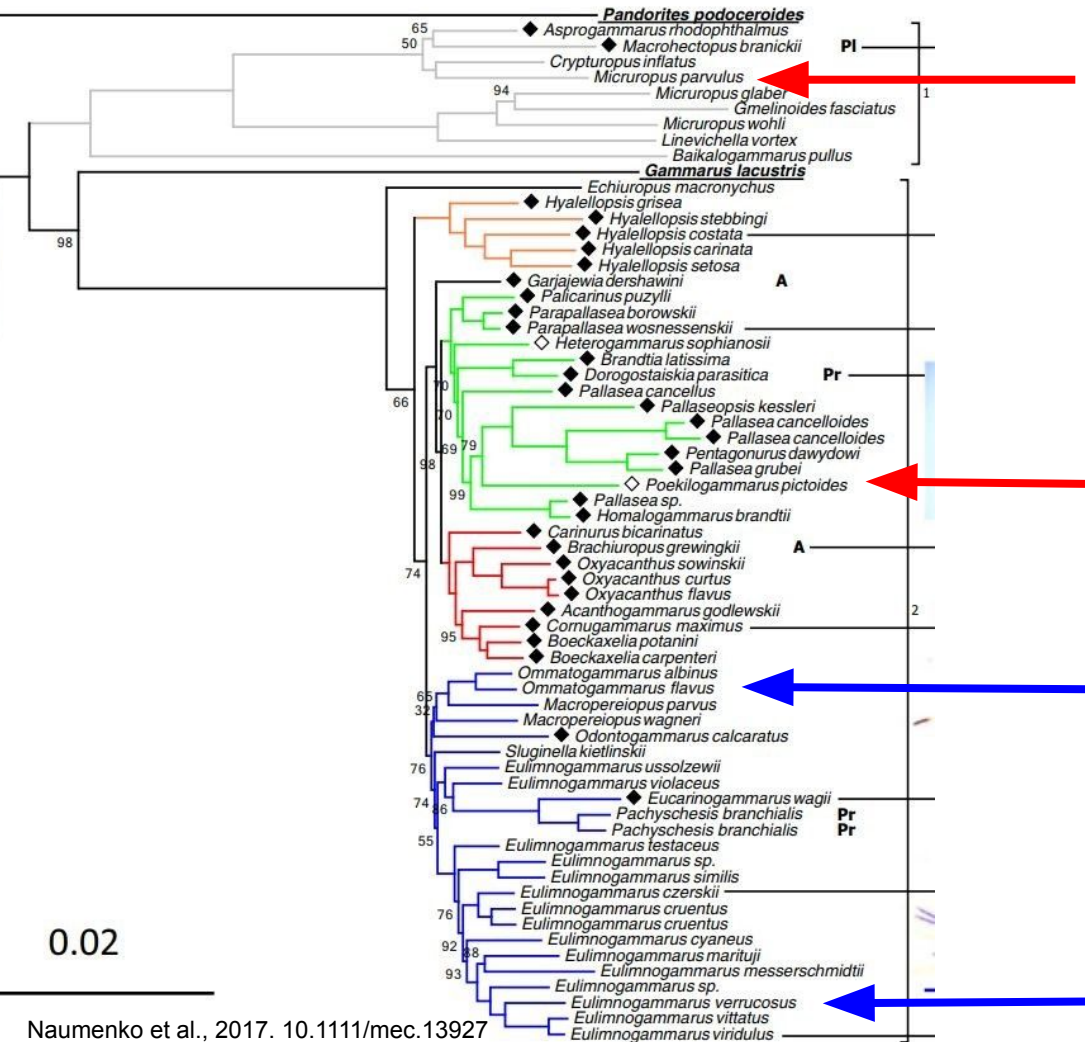
Что мы нашли?

- трансферрины
- лизоцим
- scolopendin-1
- фрагменты гистонов
- **крустины**



Часть 1. Крустины



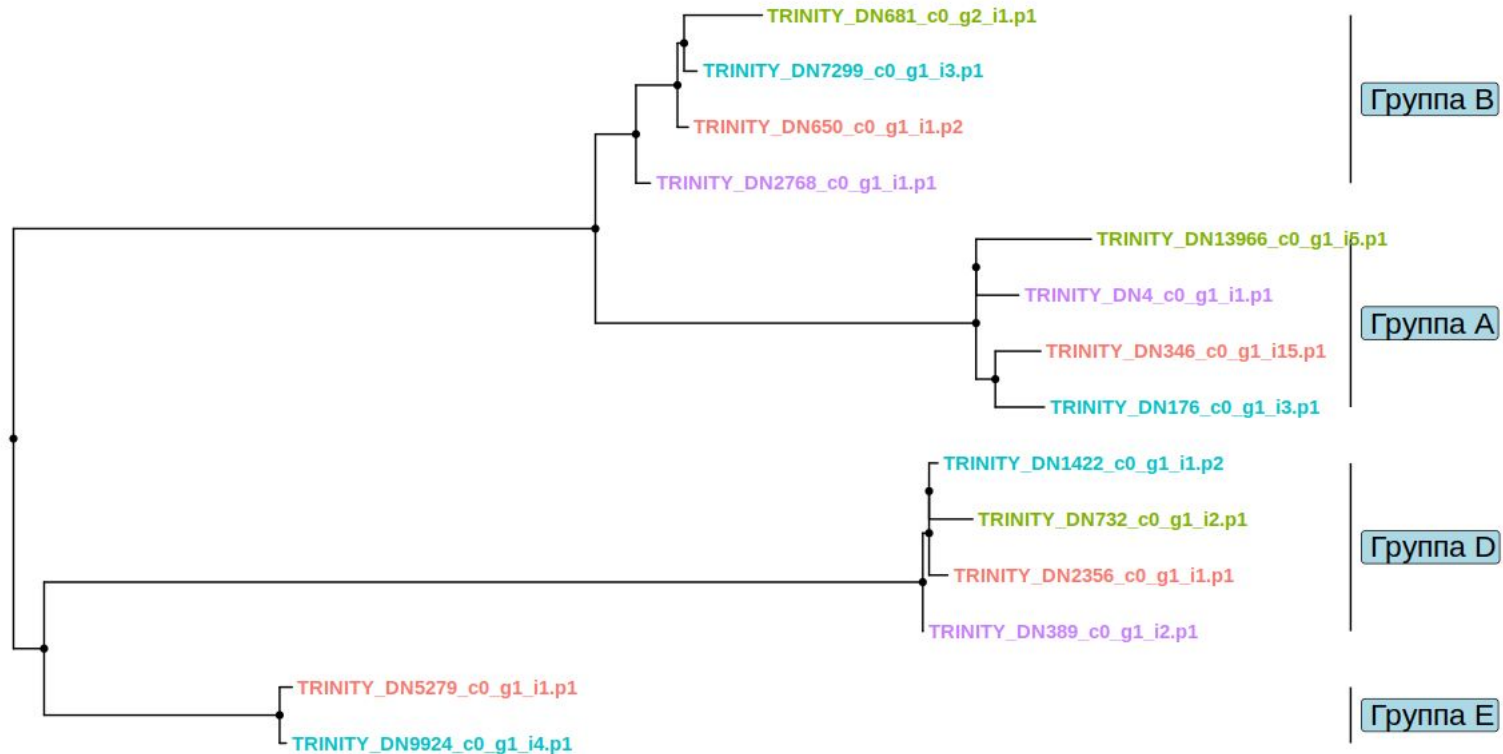


Больше
транскриптомов..



Котоматрица = kotomatrix.ru

NCBI 404: crustin amphipoda not found



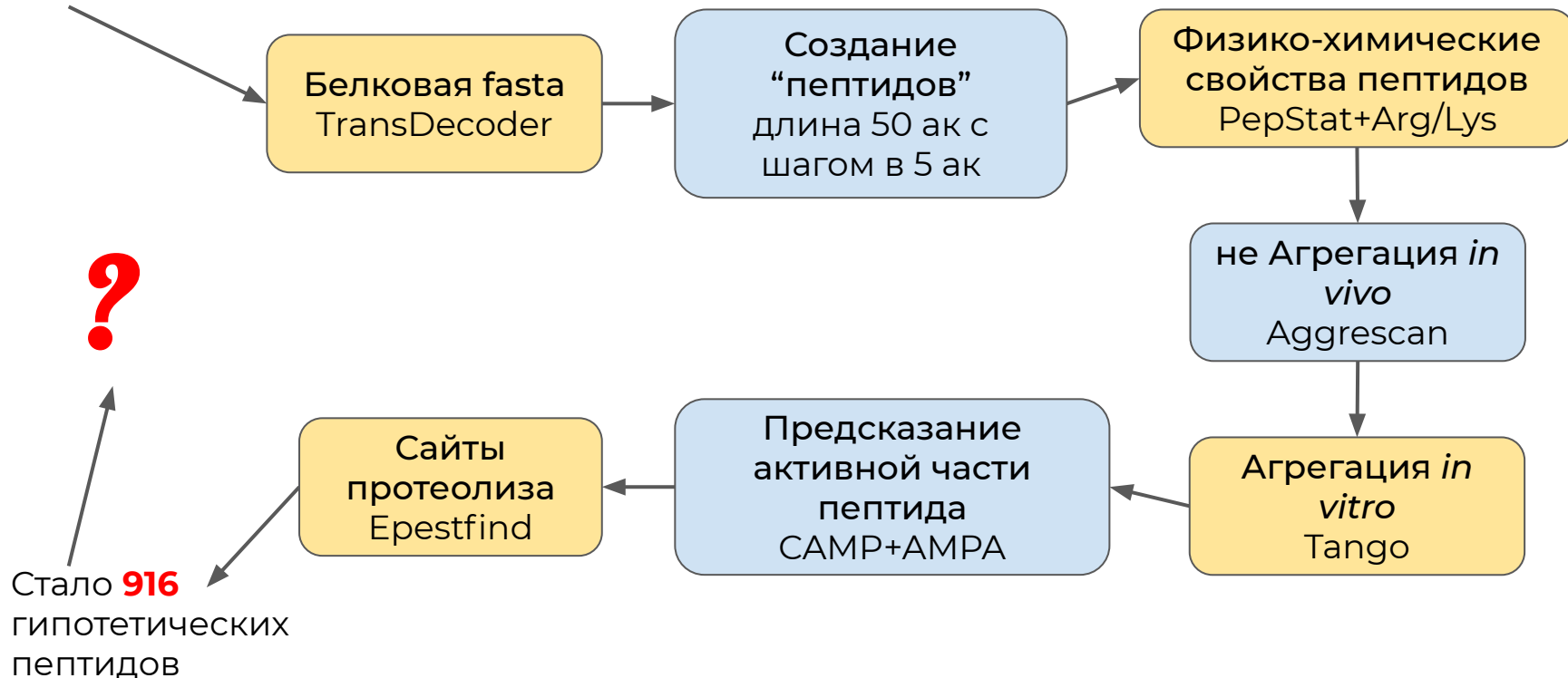
Species a E_verrucosus a M_parvulus a O_flavus a P_pictoides

Часть 2. Предсказания



Предсказание новых АМП

Было **201 773**
КОНТИГОВ



Выводы и перспективы

Выводы:

1. У амфипод есть крустины! И их не менее 4 групп
2. Не только крустины. Но это уже другие истории...
3. Необходимо оптимизировать пайплайн на большие объемы данных

https://github.com/IrinaBabkina/Antimicrobial_peptide

