Межрегиональная общественная организация
«Паразитологическое общество» Российской академии наук

Институт биологии южных морей имени А. О. Ковалевского РАН

Зоологический институт РАН

ШКОЛА
по теоретической и морской ПАРАЗИТОЛОГИИ

VIII Всероссийская конференция с международным участием

12–16 сентября 2022, г. Севастополь

Тезисы докладов

Севастополь
2022

УДК 57:57.088:577.2.08

Только транскриптомы

Алёшин В. В.

Московский государственный университет имени М. В. Ломоносова, НИИ ФХБ имени А. Н. Белозерского, Москва, Россия
Институт проблем передачи информации им. А. А. Харкевича РАН, Москва, Россия;
Aleshin@genebee.msu.su

Техника молекулярной генетики для зоологического применения совершенствуется, точность повышается. Это позволяет находить в метагеномах и данных металтрихкодирования больше генетического материала паразитических видов, расширять фаунистические и таксономические списки. Кроме того, высокопроизводительное секвенирование геномов и транскриптомов хозяев нередко выявляет незамеченное ранее присутствие симбионтов и паразитов, а с учетом высокой глубины секвенирования, достигаемой во многих проектах, ненамеренные метагеномы позволяют не только детектировать симбионтов и паразитов, но иногда делать и содержательные выводы об их биологии.

Приближается время, когда молекулярно-генетические методы «сожрут» часть предмета традиционной паразитологии, подобно тому, как это случилось в систематике. В данном сообщении, однако, вместо всестороннего разбора их применения в паразитологии в целом, приводятся разнородные случаи неожиданных паразитологических находок, сделанных в нашей и других отечественных лабораториях. Эти примеры без всеобъемлющей классификации показывают часть спектра подходов, эксплуатирующих новые методы – когда в распоряжении исследователя имеются преимущественно или даже исключительно молекулярные данные.

Transcriptomes only

Aleoshin V. V.

Belozersky Institute for Physico-Chemical Biology, Lomonosov Moscow State University, Moscow, Russia
Institute for Information Transmission Problems, RAS, Moscow, Russia;
Aleshin@genebee.msu.su

Examples of unexpected acquisition of information about parasitic species in rounds of analyzes of metagenomes or transcriptomes are presented.