

**Разработка Интернет-ресурса по биоинформатическому анализу генома.****Научный руководитель – Мустафаев Орхан Нариман*****Мехдиев Шаиг Фаиз****Выпускник (магистр)*

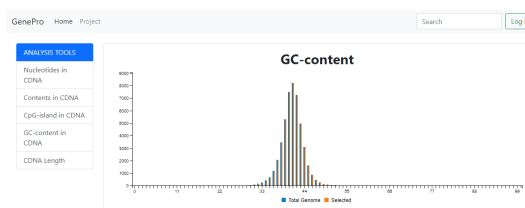
Бакинский государственный университет, Биологический факультет, Баку, Азербайджан

*E-mail: bioproziium@gmail.com*

Современные базы данных содержат наиболее точную информацию об отдельном гене или группе генов, но все это предназначено для крупномасштабного силикоанализа. Анализ размера транскриптов, изучение их мотивов, определение их нуклеотидного контекста, определение состава ГС и частоты кодонов, короче говоря, анализ всех потенциальных факторов, влияющих на эффективность экспрессии генов в живой клетке. Для выполнения таких расчетов исследователи вынуждены использовать существующие утилиты или создавать такие программы. С учетом вышеперечисленных факторов создается комплексная система анализа образцов генома для исследователей, не обладающих специальными навыками в области биоинформатики.

Разработанная нами новая система может получать от пользователя информацию двух типов. 1) Информация о принадлежности нуклеотидной последовательности в формате FASTA к какому-либо живому существу. 2) Таблицы JSON или CSV с начальными и конечными координатами разных генов на хромосоме, активностью генов и другими данными. Выполняя различные вычисления нуклеотидной последовательности с помощью этой системы, можно получить различные результаты, такие как количество нуклеотидов в нуклеотидной последовательности, содержание ГС, количество пар нуклеотидов, количество кодонов, длина последовательности, и так далее.

В настоящее время ведется работа над этой системой, и в будущем будут разработаны различные новые алгоритмы для выполнения различных вычислений в этой системе, а также с помощью этой системы можно будет изучить визуализированную карту различных геномов.

**Иллюстрации****Рис. 1.** GC-содержание по кДНК (*Arabidopsis thaliana*)