

Аннотация для гранта ИГУ, № темы 091-23-318

Озеро Байкал — это одно из древнейших озер на планете. Одной из главных особенностей озера является обширное биоразнообразие фауны, которая насчитывает более 2500 видов, большинство из которых являются эндемичными для озера Байкал (Timoshkin, 2001). Наиболее значимой и широко представленной группой байкальских гидробионтов являются амфиподы. В Байкале амфиподы представлены более чем 350 морфологическими видами и подвидами, среди которых отмечен 99% эндемизм (Байкаловедение, 2012; Тимофеев, 2010), однако степень криптической изменчивости остается неясной.

Недавние исследования продемонстрировали, что одни из наиболее распространенных обитателей литоральной зоны озера *Eulimnogammarus verrucosus* (Gerstfeldt, 1858) и *Eulimnogammarus vitatus*, включают в себя (псевдо)криптические виды (Gurkov et al., 2019). Помимо этого, у *E. verrucosus* из различных популяций было обнаружено наличие репродуктивного барьера между двумя популяциями данного вида и подобные исследования продолжаются (Drozdova et al., 2022). Также, проводятся активное изучение видового разнообразия амфипод из реки Ангара (Саранчина, 2022). Для изучения видового разнообразия и криптической изменчивости, помимо анализа морфологических различий амфипод, также требуется исследование их различий в генетическом строении - генотипирование.

Результаты таких генетических исследований нуждаются в наличии удобного и комплексного инструмента для эффективного и быстрого анализа данных, в частности для определения видовой принадлежности в морфологически схожих популяциях озера Байкал. Однако, в настоящий момент подобный анализ подразумевает обработку разрозненных генетических данных, что в свою очередь является трудоемким процессом и требует дополнительных биоинформатических навыков для выполнения этой задачи.