

АННОТАЦИЯ

выпускной квалификационной работы по теме

«Использование секвенирования для идентификации микромицетов».

Исполнитель: студент 401 группы медико-биологического факультета Волгоградского государственного медицинского университета В.Д. Беликов (направление подготовки «Биология», профиль «Генетика»)

Научный руководитель: ст. преподаватель кафедры молекулярной биологии и генетики, к.м.н, доцент Г.А. Ткаченко

Сроки выполнения: 2014-2015 уч. год

Цель исследования: изучить возможность видовой идентификации микромицетов с использованием анализа нуклеотидных последовательностей D2 региона гена 26S рРНК.

Задачи исследования:

1. Синтезировать участки рибосомальной ДНК D2 региона микромицетов методом ПЦР
2. Провести анализ результатов секвенирования полученных последовательностей
3. Сравнить последовательности фрагментов D2 региона гена 26S рРНК исследуемых микромицетов с генетическими базами данных
4. Провести филогенетический анализ нуклеотидных последовательностей исследуемых штаммов микромицетов с референсными штаммами микроскопических грибов для определения видовой принадлежности

Дизайн исследования:

- I. Для идентификации микромицетов методом секвенирования на первом этапе необходимо:
 - 1.1 Амплифицировать фрагменты D2 региона гена 26S рРНК микромицетов
 - 1.2 Провести детекцию результатов ПЦР при помощи электрофореза в агарозном геле
- II. На втором этапе исследования осуществить постановку терминирующей реакции для синтеза меченых фрагментов.
- III. На третьем этапе провести секвенирование участков гена D2 рРНК исследуемых микроскопических грибов.
- IV. На завершающем этапе исследования проанализировать полученные результаты секвенирования и сравнить их с международной базой данных GeneBank NCBI.

Предполагаемые пути решения задач:

Объектами исследования будут являться образцы ДНК 10 штаммов микромицетов различных групп патогенности из коллекции ФКУЗ Волгоградский научно-исследовательский противочумный институт Роспотребнадзора.

Во время исследования будет проведена амплификация фрагментов гена D2 региона 26S рРНК микромицетов, затем очистка полученных фрагментов ДНК при помощи ферментов, для осуществления секвенирования ампликоны будут мечены дидезокситерминаторами. Для видовой идентификации микромицетов детекция последовательностей будет осуществлена на генетическом анализаторе Applied Biosystems 3130 Genetic Analyzers. Результаты секвенирования будут проанализированы при помощи программного пакета MEGA 6 и алгоритма BLAST.

Исполнитель:

Студент направления подготовки «Биология»
профиль Генетика

БвееС

В.Д. Беликов

(подпись)

28.10.14

Научный руководитель:

ст. преподаватель кафедры молекулярной
биологии и генетики, к.м.н., доцент

Ткач

Г.А.Ткаченко

(подпись)

28.10.14.