

АННОТАЦИЯ

выпускной квалификационной работы по теме
«Молекулярно-генетический анализ III и VI систем секреции *Burkholderia pseudomallei*».

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

Научный руководитель: ассистент кафедры молекулярной биологии и генетики, к. м.н. С.С. Савченко

Сроки выполнения: 2014-2015 уч. год

Цель исследования: анализ структуры, функций, особенностей экспрессии и регуляции систем секреции III и VI типа у *B. pseudomallei*, а также составление рабочей амплификационной тест-системы, которая позволила бы продолжить работу над изучением свойств систем секреции III и VI типа.

Задачи исследования:

- 1) Обобщить наиболее важные данные о генетической и белковой структуре систем секреции III и VI типа и особенностях их регуляции, в том числе об изменениях в регуляции в зависимости от условий культивирования.
- 2) Проанализировать *in silico* данные секвенирования двух субкультур *B. pseudomallei* 110, культивированных в различных условиях, на предмет изменений в структуре генов, кодирующих компоненты систем секреции III и VI типа.
- 3) Сконструировать амплификационную тест-систему, включающую олигонуклеотидные праймеры и гибридизационные зонды, для изучения уровня экспрессии генов, кодирующих компоненты систем секреции III и VI типа *B. pseudomallei*.

Дизайн исследования:

- I. Для первых двух этапов необходимо:
 - 1.1. провести обзор всей имеющейся литературы на тему T3SS и T6SS;
 - 1.2. провести обзор баз данных, содержащих информацию о генах, их последовательностях, функциях и участии в различных метаболических путях;
 - 1.3. составить графические репрезентации полученных данных.
- II. Для третьего этапа необходимо провести анализ данных массового параллельного секвенирования штамма *B. pseudomallei* 110 и, с использованием методов биоинформатики, проанализировать контиги на содержание изменений в структуре генов, принадлежащих к T3SS и T6SS.

Предполагаемые пути решения задач:

Изучение имеющейся литературы проводится при помощи баз данных Национального Центра Биотехнологической Информации (NCBI). Данные о генах, их структуре, функциях и включении в метаболические пути извлекаются из выше упомянутых баз NCBI, баз Киотской Энциклопедии Генов и Геномов (KEGG) и UniProt.

Анализ контигов на изменения в структуре генов, принадлежащих к T3SS и T6SS, проводится с помощью программы Tablet версии 1.14.10.20 и алгоритмов BLAST.

Аналізу піддаються три субкультури штамма *Burkkholderia pseudomallei* 110. Перва субкультура вирощується на поживній середі; друга – всередині зараженого організму; третя – на поживній середі після посіву з зараженого організму. При виявленні субваріантів генів T3SS і T6SS, послідовності яких розходяться з конеснусними, в наборі контигів, отриманих з другої субкультури, можна зробити висновок про те, що структура і функціонування генів T3SS і T6SS змінюються в залежності від умов навколишнього середовища і впливають на вирулентність. При цьому, якщо в наборі контигів, отриманих з третьої субкультури, цього не спостерігається, ймовірно, ці зміни мають оборотний характер.

Исполнитель:

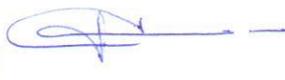
Студент направления подготовки «Биология»
профиль Генетика

27.10.14 

С.С. Коломейцев

Научный руководитель:

Ассистент кафедры молекулярной
биологии и генетики, к.м.н.

27.10.14 

С.С. Савченко