

АННОТАЦИЯ

выпускной квалификационной работы по теме

«Оптимизация методов подготовки библиотек для массового параллельного секвенирования генома *Burkholderia pseudomallei*»

Исполнитель: студентка 401 группы медико-биологического факультета Волгоградского государственного медицинского университета Е.М. Булатова (направление подготовки «Биология», профиль «Генетика»)

Научный руководитель: зав. кафедрой молекулярной биологии и генетики, д.м.н., Топорков Андрей Владимирович.

Научный консультант: заведующий сектором биоинформационного анализа ФКУЗ Волгоградский научно-исследовательский противочумный институт Роспотребнадзора, к.м.н., Савченко Сергей Сергеевич.

Сроки выполнения: 2015-2016 уч. год

Цель исследования: апробировать различные методы деградации ДНК для получения геномной библиотеки *B. pseudomallei*, пригодной для последующего массового параллельного секвенирования с использованием платформы Ion Torrent.

Задачи исследования:

1. Изучить и апробировать методы фрагментации ДНК с использованием небулайзера, ультразвука и набора ферментов для получения геномной библиотеки для массового параллельного секвенирования.
2. Проанализировать диапазон фрагментов, чистоту препарата ДНК, а также рабочую концентрацию геномных библиотек, полученных с использованием различных методических подходов.
3. Провести сравнительный анализ методов фрагментации ДНК и выбрать оптимальный алгоритм построения геномной библиотеки *B. pseudomallei* для массового параллельного секвенирования с использованием платформы Ion Torrent.

Дизайн исследования:

I. Для изучения методов фрагментации на первом этапе необходимо отобрать литературу с соответствующими показательными данными для объективного освещения проблемы и решения поставленных задач.

II. На втором этапе исследования провести фрагментирование ДНК соответствующими методами с использованием лабораторного оборудования .

III. На третьем этапе изучить параметры полученных фрагментов в результате обработки соответствующими методами фрагментации. Так же определить насколько данные фрагменты подходят для массового параллельного секвенирования.

IV. На завершающем этапе исследования определить качество получаемых фрагментов для дальнейшего использования полученной библиотеки в целях научных исследований. Проанализировать и выбрать из предлагаемых методов наиболее оптимальный, соответствующий всем критериям при воспроизведении, а так же технологически простой и не требующий больших дополнительных затрат на специальное оборудование.

Предполагаемые пути решения задач:

Провести отбор зарубежной и отечественной литературы по тематике выполняемой работы. Ознакомиться с научными статьями ученых, занимающихся решением проблем и изучением подобного рода вопросов в научно-исследовательской деятельности. На основе всех изученных работ провести отбор параметров для реализации соответствующих задач с учетом внесения индивидуальных изменений для оптимизации процесса, а также особенностей генома возбудителя мелиоидоза. Получить на практике необходимый препарат геномной библиотеки основываясь на различных методах фрагментации ДНК, соблюдая при этом все технические параметры и правила безопасности в лаборатории. Провести сравнительный анализ апробированных методов и выбрать оптимальный, соответствующий всем критериям при воспроизведении, а так же технологически простой и не требующий больших дополнительных затрат на специальное оборудование.

Исполнитель:

Студентка направления подготовки «Биология»

профиль Генетика



Е.М. Булатова

Научный руководитель:

Зав. кафедрой молекулярной биологии и генетики, д.м.н.



А.В. Топорков

Научный консультант:

Заведующий сектором биоинформационного анализа,
ФКУЗ Волгоградский научно-исследовательский
противочумный институт Роспотребнадзора, к.м.н.



С.С. Савченко

20.10.2015