

## АННОТАЦИЯ

выпускной квалификационной работы по теме

**«Поиск локусов для внутривидового типирования возбудителя сапа методом MLST».**

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

**Научный руководитель:** ассистент кафедры молекулярной биологии и генетики, к.м.н. К.В. Жуков

**Научный консультант:** Заведующий сектором биоинформационного анализа ФКУЗ Волгоградский научно-исследовательский противочумный институт Роспотребнадзора, к.м.н. С.С. Савченко

**Сроки выполнения:** 2015-2016 уч. год

**Цель исследования:** выявить вариабельные локусы хромосомной ДНК возбудителя сапа (*B.mallei*) для проведения филогенетического анализа.

### Задачи исследования:

1. Осуществить поиск в генетических базах данных геномов различных штаммов *B.mallei*;
2. Произвести поиск вариабельных генов и локусов с помощью программы Mauve;
3. Выполнить выравнивание найденных нуклеотидных последовательностей с помощью специализированного программного обеспечения;
4. Осуществить подбор олигонуклеотидных затравок для дальнейшего генотипирования возбудителя сапа для амплификации и секвенирования выбранных MLST-локусов;
5. Провести оценку дифференцирующей способности разработанной схемы MLST типирования штаммов возбудителя сапа;
6. Проанализировать корреляцию сформированных групп со значимыми эпидемиологическими показателями, провести филогенетический анализ.

### Дизайн исследования:

I. На первом этапе проведения филогенетического анализа следует произвести поиск геномов различных штаммов *B.mallei* в генетических базах GenBank.

II. На втором этапе исследования с помощью специализированного программного обеспечения осуществить поиск вариабельных генов и локусов и выполнить выравнивание найденных нуклеотидных последовательностей.

III. На третьем этапе осуществить подбор олигонуклеотидных затравок для дальнейшего генотипирования возбудителя сапа для амплификации и секвенирования выбранных MLST-локусов.

IV. На завершающем этапе исследования следует провести оценку дифференцирующей способности разработанной схемы MLST типирования штаммов возбудителя сапа и проанализировать корреляцию сформированных групп со значимыми эпидемиологическими показателями.

### Предполагаемые пути решения задач:

Поиск филогенетического предшественника *B.mallei* будет осуществлен с помощью анализа генетической структуры различных штаммов данного микроорганизма. Доступных в генетических базах данных.

Основным инструментом филогенетического анализа является сравнение близких по структуре или по функции генов или белков, в частности их первичных последовательностей. Во время исследования будут найдены переменные локусы хромосомной ДНК возбудителя сапа (*B.mallei*) для проведения филогенетического анализа. Для выполнения данной задачи будет использовано специализированное программное обеспечение. На следующем этапе на основе выбранных локусов будет выполнен подбор олигонуклеотидных затравок для дальнейшего генотипирования возбудителя сапа, амплификации и секвенирования выбранных MLST-локусов. Проведем оценку дифференцирующей способности разработанной схемы MLST типирования штаммов возбудителя сапа и проанализируем корреляцию сформированных групп со значимыми эпидемиологическими показателями. Анализ и применение результатов, полученных в ходе исследования помогут нам сделать выводы о филогенетическом предшественнике *B.mallei*

Исполнитель:

Студент направления подготовки «Биология»

профиль Генетика

А.А. Мирошников

Научный руководитель:

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

К.В. Жуков

Научный консультант:

Заведующий сектором биоинформационного анализа

ФКУЗ Волгоградский научно-исследовательский противочумный

институт Роспотребнадзора, к.м.н.

С.С. Савченко  
20.10.15