

АННОТАЦИЯ

выпускной квалификационной работы по теме

«Изучение генетических особенностей для определения вирулентных свойств штаммов патогенных буркхольдерий»

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

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

Научный консультант: н.с. лаборатории генодиагностики ФКУЗ Волгоградский научно-исследовательский противочумный институт Роспотребнадзора М.Л. Леденева

Сроки выполнения: 2016-2017 уч. год

Цель исследования: оценить возможность определения вирулентности на основе изучения генетических особенностей штаммов *Burkholderia pseudomallei*.

Задачи исследования:

1. Провести анализ данных литературы и определить гены, ответственные за вирулентность у возбудителя мелиоидоза
2. Сравнить *in silico* выбранные локусы и выявить генетические особенности при различной степени вирулентности штаммов *B. pseudomallei* из базы данных GenBank
3. Сконструировать набор праймеров для детекции генов вирулентности возбудителя мелиоидоза с помощью ПЦР

Дизайн исследования:

- I. Для того, чтобы определить гены, ответственные за вирулентность, необходимо:
 - 1.1 Провести анализ данных литературы для изучения различных факторов вирулентности возбудителя мелиоидоза.
 - 1.2 Сделать выборку нуклеотидных последовательностей штаммов *B. pseudomallei* из базы данных GenBank, выделенных из разных объектов и географических регионов
- II. На втором этапе работы необходимо провести сравнительный анализ *in silico* генетических локусов, ответственных за вирулентность, на выборке штаммов *B.pseudomallei* из GenBank NCBI
- III. Разработать праймеры и зонды для обнаружения генов вирулентности *B.pseudomallei* методом ПЦР в режиме реального времени.

Предполагаемые пути решения задач:

Объектами исследования будут являться геномы штаммов *B. pseudomallei*, депонированные в генетической базе GenBank на сайте NSBI. Будет осуществлена выборка нуклеотидных последовательностей штаммов возбудителя мелиоидоза из базы данных GenBank, выделенных из различных географических регионов и разных объектов.

Для сравнения *in silico* локусов, ответственных за вирулентность, и определения генетических особенностей штаммов возбудителя мелиоидоза с различной степенью вирулентности будет использована программа UGENE.

Во время работы для конструирования набора праймеров будет использована компьютерная программа Oligo 7. Для оценки специфичности праймеров планируется выполнить анализ с помощью программы BLAST на сайте NCBI. Далее с помощью разработанных олигонуклеотидов будет проведена амплификация генетических локусов, отвечающих за вирулентность, с ДНК штаммов *B. pseudomallei*.


Исполнитель:

Студентка направления подготовки «Биология»

профиль Генетика

В.С.Бондарчук

Научный руководитель:

доцент кафедры молекулярной биологии и генетики, к.м.н.  Г.А. Ткаченко

Научный консультант:

н.с. лаборатории генодиагностики

ФКУЗ Волгоградский научно-исследовательский

противочумный институт Роспотребнадзора

М.И. Леденева

07.10.16