

АННОТАЦИЯ

выпускной квалификационной работы по теме

«Молекулярно-генетическая характеристика штаммов вируса Зика».

Исполнитель: студент 401 группы медико-биологического факультета Волгоградского государственного медицинского университета *И.С. Дудаков* (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 ФГУЗ Волгоградский научно-исследовательский противочумный институт Роспотребнадзора, к.м.н. С.С. Савченко

Сроки выполнения: 2016-2017 уч. год

Цель исследования: провести филогенетический анализ штаммов вируса Зика.

Задачи исследования:

1. Осуществить поиск полногеномных последовательностей вируса Зика в базах данных сети Интернет.
2. Произвести локальное выравнивание найденных последовательностей
3. Произвести филогенетический анализ найденных последовательностей штаммов вируса Зика.

Актуальность: данная тема актуальна, поскольку вирус Зика и вызываемое им заболевание — серьезнейшая проблема в области общественного здравоохранения. Данные о вызываемых лихорадкой Зика осложнениях вызывают серьезную озабоченность в мировом сообществе. Вирус и вызываемая им лихорадка непрерывно распространяется по миру и проникает во все более новые регионы. На данный момент даже известно о 10 завозных случаях лихорадки Зика в России, хотя случаев местной передачи лихорадки в России пока не наблюдалось. В данном исследовании планируется провести филогенетический анализ известных на данный момент штаммов вируса Зика и оценить его корреляцию с географией его распространения.

Дизайн исследования:

- I. Для осуществления поиска полногеномных последовательностей вируса Зика предполагается использовать базы данных NCBI.
- II. На втором этапе исследования произвести локальное выравнивание найденных последовательностей с использованием системы скоринга.
- III. На завершающем этапе путем построения филогенетической дендрограммы оценить филогенетическое родство найденных последовательностей штаммов вируса Зика и изучить его корреляцию с географией его распространения.

Предполагаемые пути решения задач:

Поиск полногеномных последовательностей штаммов вируса Зика будет осуществлен с использованием баз данных NCBI и BLAST.

Во время исследования будет произведено локальное выравнивание найденных последовательностей с использованием системы скоринга BLAST и матрицы BLOSUM62.

Для построения филогенетической дендрограммы будет использована система BLAST, после чего полученная дендрограмма будет детально анализирована.

Исполнитель:

Студент направления подготовки «Биология»
профиль Генетика



И.С. Дудаков

Научный руководитель:

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



К.В. Жуков

Научный консультант:

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



С.С. Савченко

07.10.2016