

АННОТАЦИЯ

выпускной квалификационной работы по теме

«Биоинформационный анализ фрагментов секвенированного генома *B.pseudomallei* 110, имеющих гомологию с плазмидами буркхольдерий».

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

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

Научный консультант: вр. и.о. зав. сектора биоинформационного анализа ФКУЗ Волгоградский научно-исследовательский противочумный институт Роспотребнадзора. Шпак И.М.

Сроки выполнения: 2016-2017 уч. год

Цель исследования: Обнаружение и аннотирование нуклеотидных последовательностей фрагментов генома *B.pseudomallei* 110, полученных в результате высокопроизводительного секвенирования, имеющих гомологию с плазмидами буркхольдерий.

Задачи исследования:

1. Провести анализ качества данных высокопроизводительного секвенирования штамма *B. pseudomallei* 110 из коллекции ФКУЗ Волгоградский научно-исследовательский противочумный институт Роспотребнадзора.
2. Осуществить *de novo* сборку генома *B. pseudomallei* 110 и оценить ее качество, используя средства биоинформационного анализа.
3. Выполнить поиск последовательности штамма *B. pseudomallei* из генетической базы данных GenBank, NCBI, обладающей наибольшей гомологией со штаммом *B. pseudomallei* 110.
4. Разработать алгоритм поиска фрагментов генома *B. pseudomallei* 110, имеющих гомологию с плазмидами буркхольдерий.
5. Охарактеризовать обнаруженные фрагменты генома *B. pseudomallei* 110, имеющие гомологию с плазмидами буркхольдерий и провести их аннотирование *in silico*.

Дизайн исследования:

Проанализировать данные высокопроизводительного секвенирования *B.pseudomallei* 110, представленные в виде набора отдельных прочтений тотальной ДНК. Оптимизированные данные планируется использовать для сборки *de novo* с помощью геномного ассемблера. После проведения оценки качества сборки, с использованием алгоритмов биоинформатики необходимо проанализировать полный набор контигов на предмет наличия гомологичных последовательностей с плазмидными ДНК, представленными в генетических базах данных сети интернет. Картировать контиги имеющие гомологию с плазмидами буркхольдерий и определить степень покрытия

референтной последовательности плазмиды полученными контигами. Выполнить первичное аннотирование выявленных фрагментов.

Предполагаемые пути решения задач:

Анализ генома планируется выполнить с помощью online-ресурса BLAST. Оптимизация данных будет выполнена с использованием программы FastQC. Сборка генома будет произведена с помощью геномного ассемблера SPADES 3.4. Оценка качества сборки будет осуществляться с помощью программного пакета QUAST 4.5. Первичное аннотирование и депонирование будет выполнено с помощью online-сервиса RAST.

Исполнитель:

Студент направления подготовки «Биология»

профиль Генетика



М.Г.Мелоян

Научный руководитель:

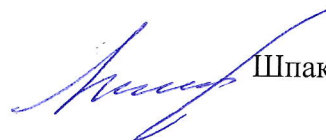
ассистент кафедры молекулярной биологии и генетики,
к.м.н.



Жуков К.В.

Научный консультант:

вр. и.о. зав. сектора биоинформационного анализа ФКУЗ
Волгоградский научно-исследовательский противочумный
институт Роспотребнадзора.



Шпак И.М.