

АННОТАЦИЯ

выпускной квалификационной работы по теме

"Поиск и анализ консенсусных последовательностей предполагаемых интегронов *Burkholderia pseudomallei*"

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

Научный руководитель: доцент кафедры молекулярной биологии и генетики, к.б.н., И.Б. Захарова

Научный консультант: научный сотрудник лаборатории особо опасных микозов, ФКУЗ «Волгоградский научно-исследовательский противочумный институт» Роспотребнадзора, к.м.н., А.М. Маркин

Сроки выполнения: 2017-2018 уч.год

Цель исследования: Идентификация генных кассет в составе предполагаемых интегронов в геномах *B. pseudomallei*

Задачи исследования:

1. Провести *in silico* анализ полных геномных последовательностей штаммов *B. pseudomallei*, опубликованных в общедоступных базах данных, с целью поиска последовательностей генных кассет.
2. Проанализировать структурные особенности attC сайтов, обнаруженных в предполагаемых генных кассетах.
3. Провести сравнительный анализ гомологичных интегроноподобных структур, выявленных в разных штаммах *B. pseudomallei*.

Дизайн исследования:

- I. На первом этапе исследования необходимо изучить и обобщить современные литературные данные по исследуемой проблеме:
 - 1.1. Дать общую характеристику и классификацию интегронов.
 - 1.2. Изучить особенности структуры интегронов.
- II. На втором этапе освоить алгоритм работы с общедоступными генетическими базами данных.
- III. На третьем этапе провести сравнительный анализ структурных особенностей интегронов, найденных в геномах *B. pseudomallei* для выявления фланкирующих участков генных кассет.
- IV. На завершающем этапе обобщить данные собственных экспериментальных исследований, сформулировать выводы.

Предполагаемые пути решения задач:

Изучение распространенности генов патогенных буркхольдерий путем поиска последовательностей предполагаемых интегронов в полных геномных последовательностях штаммов *B. pseudomallei*, опубликованных в общедоступных базах данных. Методом анализа *in silico* будут проанализированы структурные особенности attC сайтов генных кассет.

Для выполнения исследования будут использованы следующие ресурсы: аннотированная общедоступная база данных GenBank NCBI и средства поиска базового локального выравнивания Nucleotide BLAST и Protein BLAST, позволяющие обнаружить локальное сходство между последовательностями. Программы сравнивают исследуемые нуклеотидные или белковые последовательности с базами данных последовательностей и вычисляют статистическую значимость совпадений. BLAST можно использовать для определения функциональных и эволюционных отношений между последовательностями, а также для выявления членов семейств генов.

Исполнитель:

Студент направления подготовки «Биология»

профиль Генетика

А.И. Болдин

23.10.14

Научный руководитель:

доцент кафедры молекулярной

биологии и генетики, к.б.н., доцент

И.Б. Захарова

Научный консультант:

научный сотрудник лаборатории

особо опасных микозов, к.м.н.

А.М. Маркин