

АННОТАЦИЯ

выпускной квалификационной работы по теме

«Сравнительный анализ интеграз *Burkholderia pseudomallei*»

Исполнитель: студентка 401 группы медико-биологического факультета Волгоградского государственного медицинского университета К.В. Васильева (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: Поиск и анализ потенциальных интеграз интегронов семейства тирозиновых рекомбиназ 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 генов интеграз.
2. Проанализировать структурные особенности белковых продуктов найденных генов для выявления интеграз семейства тирозиновых рекомбиназ.
3. Проанализировать генный контент, прилегающий к генам потенциальных интеграз интегронов.

Дизайн исследования:

- I. На первом этапе исследования необходимо изучить и обобщить современные литературные данные по исследуемой проблеме:
 - 1.1. Дать общую характеристику механизма сайт-специфической рекомбинации и семейства тирозиновых рекомбиназ.
 - 1.2. Изучить особенности интеграз интегронов.
- II. На втором этапе освоить алгоритм работы с общедоступными генетическими базами данных.
- III. На третьем этапе провести сравнительный анализ структурных особенностей белковых продуктов в найденных генах *B. pseudomallei* для выявления интеграз семейства тирозиновых рекомбиназ, а также проанализировать генный контент, прилегающий к генам потенциальных интеграз интегронов.
- IV. На завершающем этапе обобщить данные собственных экспериментальных исследований, сформулировать выводы.

Предполагаемые пути решения задач:

Изучение распространенности генов интеграз патогенных буркхольдерий путем поиска последовательностей генов интеграз в полных геномных последовательностях штаммов *B. pseudomallei*, опубликованных в общедоступных базах данных. Методом анализа *in silico* будут проанализированы структурные особенности белковых продуктов генов интеграз семейства тирозиновых рекомбиназ с целью выявления потенциальных интеграз интегронов.

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:

Студентка направления подготовки «Биология»

профиль Генетика

К.В. Васильева

23.10.17

Научный руководитель:

доцент кафедры молекулярной

биологии и генетики, к.б.н.

И.Б. Захарова

Научный консультант:

научный сотрудник лаборатории

особо опасных микозов, к.м.н.

А.М. Маркин