

## АННОТАЦИЯ

выпускной квалификационной работы по теме

### **«In silico анализ генов детерминирующих факторы патогенности возбудителя криптококкоза с целью выбора мишеней для конструирования амплификационных тест-систем для видовой идентификации»**

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

**Научный руководитель:** ассистент кафедры молекулярной биологии и генетики, к.м.н. А.М. Маркин.

**Научный консультант:** научный сотрудник лаборатории особо опасных микозов ФКУЗ «Волгоградский научно-исследовательский противочумный институт» Роспотребнадзора, к.м.н. Т.Н. Шаров.

**Сроки выполнения:** 2017-2018 уч. год

**Цель исследования:** изучить возможность конструирования праймеров для идентификации возбудителя криптококкоза *Cryptococcus neoformans* методом полимеразной цепной реакции.

#### **Задачи исследования:**

1. Провести анализ литературы для выбора наиболее перспективных генов кандидатов на роль мишени для конструирования амплификационной тест-системы.
2. Провести поиск нуклеотидных последовательностей выбранных в качестве мишеней генов в базе данных GenBank.
3. Подобрать праймеры к выбранным нуклеотидным последовательностям генов мишеней для разработки амплификационной тест системы.
4. Провести виртуальную ПЦР для оценки возможности использования выбранных праймеров.

#### **Дизайн исследования:**

- I. Для изучения возможности использования реакции амплификации для идентификации представителей рода *Cryptococcus* на первом этапе необходимо: определить возможный спектр генов кандидатов для подбора праймеров с помощью данных литературных источников.
- II. На втором этапе исследования произвести локальное выравнивание нуклеотидных последовательностей генов *Cryptococcus spp.* для поиска переменных и константных участков.
- III. На третьем этапе провести подбор праймеров и расчет параметров реакции амплификации для идентификации видов *Cryptococcus spp.*
- IV. На завершающем этапе исследования провести статистический анализ данных с целью оценки возможности использования полимеразной цепной реакции для идентификации видов *Cryptococcus neoformans* и *Cryptococcus grubii*.

### Предполагаемые пути решения задач:

1. Будет проведен поэтапный анализ нуклеотидных последовательностей, представленных в базе данных GenBank, с целью выбора потенциальных генов мишеней, с использованием собственного веб-интерфейса базы данных.
2. Выбор праймеров и этапы виртуальной полимеразной цепной реакции будут осуществлены с помощью различных компьютерных программ: Oligo, Vector NTI, Unipro Ugene, используемых для биоинформационного анализа нуклеотидных последовательностей.

Исполнитель:

Студент направления подготовки «Биология»

профиль Генетика



А.А. Числов  
23.10.14

Научный руководитель:

ассистент кафедры молекулярной биологии

и генетики, к.м.н.



А.М. Маркин

Научный консультант:

научный сотрудник лаборатории

особо опасных микозов, к.м.н.



Т.Н. Шаров