

## АННОТАЦИЯ

выпускной квалификационной работы по теме

### **«*In silico* анализ генетического разнообразия вируса *Sindbis* в различных географических регионах»**

**Исполнитель:** студентка 401 группы медико-биологического факультета Волгоградского государственного медицинского университета Бурыкина Кристина Юрьевна (направление подготовки «Биология», профиль «Генетика»)

**Научный руководитель:** Профессор кафедры молекулярной биологии и генетики, д.б.н. Викторов Дмитрий Викторович.

**Научный консультант:** зав. лабораторией арбовирусных инфекций ФКУЗ «Волгоградский научно-исследовательский противочумный институт» Роспотребнадзора к.б.н Молчанова Елена Владимировна

**Сроки выполнения:** 2018-2019 уч. год

**Цель исследования:** провести анализ нуклеотидных последовательностей и выявить особенности генома вируса *Sindbis* в различных географических регионах.

#### **Задачи исследования:**

1. Провести *in silico* анализ генетического разнообразия вируса *Sindbis*, опубликованных в общедоступных базах данных.
2. Провести поиск нуклеотидных последовательностей выбранных в качестве мишеней генов в базе данных GenBank.
3. Подобрать праймеры к выбранным нуклеотидным последовательностям для разработки идентификационной тест-системы.

#### **Дизайн исследования:**

1. На первом этапе исследования необходимо изучить данные о геноме вируса *Sindbis* с целью определения генов - мишеней для подбора праймеров с помощью литературных источников.
2. На втором этапе исследования провести поиск и локальное выравнивание нуклеотидных последовательностей.
3. На третьем этапе исследования произвести подбор праймеров, специфичных для выбранных нуклеотидных последовательностей.

4. На завершающем этапе исследования необходимо провести статистический анализ полученных данных с целью оценки эффективности подобранных праймеров для идентификации вируса *Sindbis*

#### 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 обозначенные задачи будут реализованы с помощью различных компьютерных программ: Clustal, Unipro Ugene, Nucleotide BLAST, Protein BLAST используемых для биоинформационного анализа нуклеотидных последовательностей

Исполнитель:

Студентка направления подготовки «Биология»

профиль Генетика



К.Ю.Бурыкина

22.10.18

Научный руководитель:

Профессор кафедры молекулярной биологии

и генетики, д.б.н



Д.В.Викторов

22.10.18

Научный консультант:

зав. лабораторией арбовирусных инфекций

ФКУЗ «Волгоградский научно-исследовательский

противочумный институт» Роспотребнадзора к.б.н



Е.В.Молчанова

22.10.18