

АННОТАЦИЯ

выпускной квалификационной работы по теме

«*In silico* анализ видоспецифических генов возбудителя внутрибольничного кандидоза *Candida auris* с целью конструирования амплификационной тест-системы для идентификации»

Исполнитель: студент 401 группы медико-биологического факультета ФГБОУ «Волгоградский государственный медицинский университет» Минздрава РФ Сабиров Давран Худайшукурович (направление подготовки «Биология», профиль «Генетика»).

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

Научный консультант: старший научный сотрудник лаборатории опасных микозов ФКУЗ Волгоградский научно-исследовательский противочумный институт Роспотребнадзора, к.м.н. Александр Михайлович Маркин.

Сроки выполнения: 2018-2019 уч. год

Цель исследования: изучить возможность конструирования праймеров для идентификации возбудителя внутрибольничного кандидоза *Candida auris* 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 и дифференциации представителей рода *Candida* на первом этапе необходимо: определить возможный спектр генов кандидатов для подбора праймеров с помощью данных из литературных источников.

II. На втором этапе исследования произвести локальное выравнивание нуклеотидных последовательностей генов микроскопических грибов рода *Candida* для поиска переменных и константных участков.

III. На третьем этапе провести подбор праймеров и расчет параметров реакции амплификации для идентификации и дифференциации представителей рода *Candida*.

IV. На завершающем этапе исследования провести статистический анализ данных с целью оценки возможности использования полимеразной цепной реакции для идентификации вида *Candida auris*.

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»



Д.Х. Сабиров
23.10.18

Научный руководитель:

профессор кафедры молекулярной биологии
и генетики д.б.н.



Д.В. Викторов
23.10.18

Научный консультант:

с.н.с. лаборатории опасных
микозов ФКУЗ Волгоградский
научно-исследовательский
противочумный институт
Роспотребнадзора, к.м.н.



А.М. Маркин
23.10.18