

АННОТАЦИЯ

Выпускной квалификационной работы по теме

«In silico анализ генома вируса Батаи»

Исполнитель: студентка 401 группы медико-биологического факультета Волгоградского государственного медицинского университета Васенко Екатерина Анатольевна (направление подготовки «Биология», профиль «Генетика»)

Научный руководитель: доцент кафедры молекулярной биологии и генетики, к.б.н. Молчанова Елена Владимировна

Научный консультант: научный сотрудник сектора биоинформационного анализа ФКУЗ Волгоградский научно-исследовательский противочумный институт Роспотребнадзора, к.м.н., Шпак Иван Михайлович

Сроки выполнения: 2019-2020 уч. год

Цель исследования: изучение особенностей генома штаммов вируса Батаи, циркулирующих на различных географических территориях.

Задачи исследования:

1. изучить организацию генома вируса Батаи;
2. ознакомиться с механизмом репликации вируса в клетках;
3. провести *in silico* анализ генетических последовательностей (представленных в открытых базах данных) штаммов вируса Батаи, выделенных на различных географических территориях;
4. подобрать наиболее перспективные гены-мишени и предложить праймеры, специфичные для выбранных генов-мишеней для создания на их основе идентификационной тест-системы.

Дизайн исследования:

- I. На данном этапе исследования необходимо изучить данные о геноме вируса Батаи и изучить механизм его репликации.
- II. Второй этап исследования предполагает поиск и изучение информации о генах - мишенях для подбора праймеров с помощью литературных источников.
- III. На третьем этапе исследования проводится локальное выравнивание выбранных нуклеотидных последовательностей генов-мишеней, подбираются праймеры, специфичные для выбранных нуклеотидных последовательностей .

Предполагаемые пути решения задач:

1. Проведение компьютерного анализа нуклеотидных последовательностей вируса Батаи, представленных в базе данных GenBank, с целью выбора потенциальных генов мишеней, предполагает использование собственного интерфейса веб-сайта www.ncbi.nlm.nih.gov и различных компьютерных программ;

мишеней, предполагает использование собственного интерфейса веб-сайта www.ncbi.nlm.nih.gov и различных компьютерных программ;

2. Подбор олигонуклеотидной последовательности праймеров предполагается осуществить при помощи специализированного программного обеспечения: Clustal, Unipro Ugene, Nucleotide BLAST, Protein BLAST используемых для биоинформационного анализа нуклеотидных последовательностей.

Исполнитель:

Студентка направления подготовки «Биология»
профиль генетика

21. 10. 2019
Е.А.Васенко

Научный руководитель:

доцент кафедры молекулярной биологии
и генетики, к.б.н.

Е.В.Молчанова

Научный консультант:

научный сотрудник сектора биоинформационного
анализа ФКУЗ «Волгоградский
научно-исследовательский противочумный
институт» Роспотребнадзора, к.м.н.

И.М. Шпак