

АННОТАЦИЯ

Выпускной квалификационной работы по теме

«Анализ *in silico* варибельной части генома *Burkholderia thailandensis*»

Исполнитель: студентка 401 группы медико-биологического факультета Волгоградского государственного медицинского университета Анастасия Сергеевна Панова (направление подготовки «Биология», профиль Генетика)

Научный руководитель: доцент кафедры молекулярной биологии и генетики, к.б.н., доцент Ирина Борисовна Захарова

Научный консультант: ведущий научный сотрудник отдела геноинформационных технологий ФКУЗ «Волгоградский научно-исследовательский противочумный институт» Роспотребнадзора Кирилл Вадимович Жуков

Сроки выполнения: 2019-2020 уч. год

Цель исследования: Выявление особенностей варибельной части генома *B. thailandensis*, влияющих на степень патогенности бактерии.

Задачи исследования:

1. Провести *in silico* анализ полных геномных последовательностей штаммов *B. thailandensis*, опубликованных в общедоступных базах данных, с целью поиска варибельно присутствующих у разных штаммов генов.
2. Проанализировать нуклеотидный состав найденных генов и аминокислотные последовательности белковых продуктов.
3. Проанализировать гомологию найденных генов *B. thailandensis* с ортологами у *B. pseudomallei*.

Дизайн исследования:

- I. На первом этапе исследования необходимо изучить и обобщить современные литературные данные по исследуемой проблеме:
 - 1.1. Дать общую характеристику *B. thailandensis*.
 - 1.2. Изучить особенности генома бактерии и его варибельные части.
- II. На втором этапе освоить алгоритм работы с общедоступными генетическими базами данных.
- III. На третьем этапе провести сравнительный анализ найденных генов *B. thailandensis* с ортологами у *B. pseudomallei*.
- IV. На завершающем этапе обобщить данные собственных экспериментальных исследований, сформулировать выводы.

Предполагаемые пути решения задач:

Изучение вариабельной части генома *B. thailandensis* путём сравнения полных геномных последовательностей штаммов бактерии, опубликованных в общедоступных базах данных. Методом анализа *in silico* будут проанализированы нуклеотидный состав найденных генов и аминокислотные последовательности белковых продуктов с целью выявления влияния вариабельной части генома *B. thailandensis* на степень патогенности этого микроорганизма.

В качестве ресурсов для проведения исследования будут использованы 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 и 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.

21.10.19

Исполнитель:

Студентка направления подготовки «Биология»

профиль Генетика



А.С. Панова

Научный руководитель:

Доцент кафедры молекулярной

Биологии и генетики, к.б.н., доцент



И.Б. Захарова

Научный консультант:

Ведущий научный сотрудник

отдела геоинформационных технологий



К.В. Жуков