

АННОТАЦИЯ

выпускной квалификационной работы по теме

"Молекулярно-генетическая характеристика β -лактамаз класса В оппортунистических буркхольдерий"

Исполнитель: студентка 401 группы медико-биологического факультета Волгоградского государственного медицинского университета Арина Вячеславовна Аликова (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, к.м.н., Кирилл Вадимович Жуков

Сроки выполнения: 2020-2021 уч. год

Цель исследования: Поиск и анализ β -лактамаз класса В в геномах оппортунистических буркхольдерий

Задачи исследования:

1. Изучить и обобщить современные литературные данные по исследуемой проблеме.
2. Провести *in silico* анализ полных геномных последовательностей штаммов *B. thailandensis* и *B. ceracia*, опубликованные в общедоступных базах данных, с целью поиска последовательностей генов β -лактамаз класса В.
3. Проанализировать структурные особенности найденных генов, провести филогенетический анализ

Дизайн исследования:

I. На первом этапе исследования необходимо изучить и обобщить современные литературные данные по исследуемой проблеме:

- 1.1. Механизмы устойчивости грамотрицательных бактерий к бета-лактамным антибиотикам.
- 1.2. Молекулярная и функциональная классификации β -лактамаз (по R. Ambler и по K. Bush).

II. На втором этапе освоить алгоритм работы с общедоступными генетическими базами данных.

III. На третьем этапе провести сравнительный анализ структурных особенностей нуклеотидных последовательностей обнаруженных генов, на основании чего провести филогенетический анализ.

IV. На завершающем этапе обобщить данные собственных экспериментальных исследований, сформулировать выводы.

Предполагаемые пути решения задач:

Изучение распространенности генов β -лактамаз класса В патогенных буркхольдерий планируется провести путем поиска в полных геномных последовательностях штаммов *B. thailandensis* и *B. ceracia*, опубликованных в общедоступных базах данных. Мето-

дом анализа *in silico* будут проанализированы структурные особенности нуклеотидных последовательностей обнаруженных генов.

Для выполнения исследования будут использованы следующие ресурсы: аннотированная общедоступная база данных GenBank NCBI и средство поиска базового локального выравнивания Nucleotide BLAST, позволяющее обнаружить локальное сходство между последовательностями. Программа сравнивает исследуемые нуклеотидные последовательности с базами данных последовательностей и вычисляет статистическую значимость совпадений. BLAST можно использовать для определения функциональных и эволюционных отношений между последовательностями, а также для выявления членов семейств генов. Для построения филогенетических деревьев будет использован ресурс NGPhylogeny.

09.10.2020

Исполнитель:

Студентка направления подготовки «Биология»

профиль Генетика

А.В. Аликова

Научный руководитель:

Доцент кафедры молекулярной

биологии и генетики, к.б.н., доцент

И.Б. Захарова

Научный консультант:

Ведущий научный сотрудник

отдела геноинформационных технологий, к.м.н

К.В. Жуков

КОПИЯ