

АННОТАЦИЯ

выпускной квалификационной работы по теме

“Разработка набора олигонуклеотидных праймеров для генотипирования возбудителя SARS-CoV-2 (COVID-19)”

Исполнитель: студент 401 группы медико-биологического факультета Волгоградского государственного медицинского университета Гордин Григорий Валерьевич (направление подготовки «Биология», профиль «Генетика»)

Научный руководитель: доцент кафедры молекулярной биологии и генетики, к.м.н. Жуков Кирилл Вадимович

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

Сроки выполнения: 2020-2021 уч. год

Цель исследования: Подбор олигонуклеотидных праймеров для генотипирования возбудителя SARS-CoV-2 (COVID-19)

Задачи исследования:

1. Провести поиск олигонуклеотидных праймеров, пригодных для генотипирования возбудителя SARS-CoV-2 (COVID-19), а также последовательностей генома представленных в литературных источниках и международных базах генетических данных.
2. Выполнить комплексную оценку найденных праймеров с использованием биоинформационных приложений.
3. Разработать оптимизированный набор праймеров, условий и компонентов реакционной смеси для проведения типирования возбудителя SARS-CoV-2 методом ПЦР *in silico*.

Дизайн исследования:

1. На первом этапе исследования необходимо провести поиск литературных данных о используемых вариантах олигонуклеотидных затравок для детектирования и типирования возбудителя SARS-CoV-2, а также секвенированных и аннотированных последовательностей генома возбудителя.
2. Далее провести множественное выравнивание, представленных в генетических базах данных последовательностей генома нового коронавируса COVID-19 для выявления гомологичных и гетерологичных участков генома, а также потенциальных ДНК-мишенях.
3. С использованием современных биоинформационных приложений провести комплексную оценку найденных наборов праймеров на возможность их применения для типирования возбудителя SARS-CoV-2.
4. Подобрать собственный набор амплификационных праймеров для типирования возбудителя. Провести оптимизацию условий и компонентов ПЦР *in silico* и оценить полученные результаты.

Предполагаемые пути решения задач:

1. Анализ литературных данных с целью сбора сведений об используемых олигонуклеотидных затравках для генотипирования возбудителя SARS-CoV-2 с использованием метода ПЦР.
2. Проведение филогенетического анализа последовательностей генома возбудителя SARS-CoV-2, представленных в генетических базах данных. Подбор потенциальных ДНК мишеней.
3. Оценка основных параметров найденных наборов праймеров, их специфичности, состава и длины получаемых ампликонов, с использованием биоинформационных приложений.
4. Подбор и оптимизация последовательности, посадки и температуры отжига праймеров, а также основных условий и компонентов реакционной смеси при помощи моделирования ПЦР *in silico*. Оценка полученных результатов.

09.10.2020

Исполнитель:

Студент направления подготовки "Биология"

Профиль Генетика

Г.В. Гордин

Научный руководитель:

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

К. В. Жуков

Научный консультант:

старший научный сотрудник сектора
биоинформационного анализа

ФКУЗ Волгоградский научно-исследовательский
противочумный институт Роспотребнадзора, к.м.н.

И. М. Шпак