

## АННОТАЦИЯ

выпускной квалификационной работы по теме

«Структура геномов штаммов вируса Западного Нила, выделенных на территории Волгоградской области»

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

**Научный руководитель:** доцент кафедры молекулярной биологии и генетики, Молчанова Елена Владимировна.

**Научный консультант:** старший научный сотрудник Сектора биоинформационного анализа ФКУЗ "Волгоградский научно-исследовательский противочумный институт Роспотребнадзора" Иван Михайлович Шпак.

**Сроки выполнения:** 2020-2021 уч. год.

**Цель исследования:** дать генетическую характеристику штаммам вируса Западного Нила, выделенных на территории Волгоградской области.

**Задачи исследования:**

1. Провести сравнительный анализ геномов изолятов вируса Западного Нила, выделенных на территории Волгоградской области.
2. Выявить однонуклеотидные замены в полногеномной последовательности штаммов, выделенных в 2018 году при сравнении с геномом штамма, выделенного в 2007 году.
3. Оценить эволюционные изменения, происходящие в структуре генома вируса Западного Нила, циркулирующего на территории Волгоградской области

**Дизайн исследования:**

- I. На первом этапе исследования необходимо изучить и обобщить современные литературные данные по структуре геномов штаммов ВЗН.
- II. На втором этапе освоить алгоритм работы с общедоступными генетическими базами данных.
- III. На третьем этапе провести сравнительный анализ структурных особенностей нуклеотидных последовательностей штаммов вируса Западного Нила, выделенных на территории Волгоградской области.
  - 3.1. Провести филогенетический анализ.
  - 3.2. Установить принадлежность Волгоградских изолятов к определенному генотипу вируса Западного Нила.
  - 3.3. Выявить нуклеотидные замены,
  - 3.4. Определить локализацию нуклеотидных замен.
- IV. На завершающем этапе обобщить данные собственных экспериментальных исследований, сформулировать выводы.



## Предполагаемые пути решения задач:

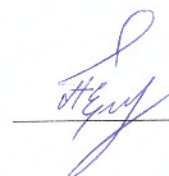
Изучение провести путем поиска в полных геномных последовательностях штаммов WNV Volgograd 601/18 и WNV Volgograd 696/18, опубликованных в общедоступных базах данных. Методом анализа *in silico* будут проанализированы структурные особенности нуклеотидных последовательностей обнаруженных генов.

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 медико-биологического факультета направления подготовки «Биология (профиль «Генетика») 4 курса, 401 группы  
Ершова Анастасия Павловна



Ершова А.П.

Научный руководитель:

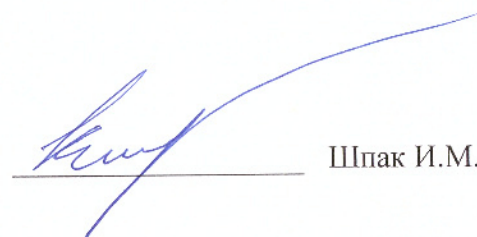
Доцент кафедры молекулярной биологии и генетики,  
Молчанова Елена Владимировна



Молчанова Е. В.

Научный консультант:

Старший научный сотрудник  
Сектора биоинформационного анализа  
ФКУЗ "Волгоградский научно-исследовательский  
противочумный институт Роспотребнадзора" к.м.н.  
Иван Михайлович Шпак.



Шпак И.М.