

## АННОТАЦИЯ

выпускной квалификационной работы по теме

"Анализ однонуклеотидных замен в структуре генома вируса Западного Нила"

**Исполнитель:** студент 401 группы медико-биологического факультета Волгоградского государственного медицинского университета Е.И. Колодяжный (направление подготовки «Биология», профиль «Генетика»)

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

**Научный консультант:** научный сотрудник сектора биоинформационного анализа ФКУЗ «Волгоградский научно-исследовательский противочумный институт Роспотребнадзора» Антонов Александр Сергеевич.

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

**Цель исследования:** Провести анализ однонуклеотидных замен в структуре генома вируса Западного Нила, используя конвейер, предназначенный для поиска мутаций в нуклеотидных последовательностях генома ВЗН

### Задачи исследования:

1. На основе анализа литературных данных осуществить поиск и каталогизацию изменений в геноме вируса Западного Нила, способных доказано влиять на фенотип вируса.
2. Используя различные инструменты биоинформатического анализа разработать конвейер, предназначенный для поиска мутаций в нуклеотидных последовательностях генома ВЗН, записанного в формате «fasta», оказывающих влияющих на фенотип
3. С помощью разработанного конвейера охарактеризовать геномы изолятов вируса Западного Нила, выделенные на территории Волгоградской области.

### Дизайн исследования:

I. На первом этапе исследования необходимо изучить современные литературные данные касательно мутаций затрагивающих геном вируса Лихорадки Западного Нила.

II. На втором этапе разработать конвейер, предназначенный для поиска мутаций в нуклеотидных последовательностях генома ВЗН, записанного в формате «fasta», оказывающих влияющих на фенотип.

III. На завершающем этапе обобщить и систематизировать данные полученные в ходе разработки конвейера. Рассмотреть возможность использования конвейера для поиска мутаций в нуклеотидных последовательностях Вируса Лихорадки Западного Нила

### Предполагаемые пути решения задач:

Изучение провести путем поиска в полных геномных последовательностях штаммов вируса лихорадки западного нила, опубликованных в общедоступных базах данных.

Для выполнения исследования будут использованы следующие ресурсы:

1. Аннотированная общедоступная база данных GenBank NCBI и средство поиска базового локального выравнивания Nucleotide BLAST.
2. Для разработки конвейера поиска мутаций в нуклеотидных последовательностях генома ВЗН будет использоваться высокоуровневый язык программирования общего назначения "Python".

02.10.2020

Исполнитель:

Студент направления подготовки

«Биология» профиль Генетика



Е. И. Колодяжный

Научный руководитель:

доцент кафедры молекулярной биологии и генетики



Е.В. Молчанова

Научный консультант:

научный сотрудник сектора биоинформационного анализа

ФКУЗ «Волгоградский научно-исследовательский

противочумный институт Роспотребнадзора»



А.С. Антонов