

## АННОТАЦИЯ

выпускной квалификационной работы по теме «Разработка методов подготовки библиотеки для секвенирования геномов изолятов вируса Западного Нила на основе амплификации протяженных участков вирусной РНК»

**Исполнитель:** студентка 401 группы медико-биологического факультета Волгоградского государственного медицинского университета Полякова Анна Александровна (направление подготовки «Биология», профиль Генетика) (уровень бакалавриата)

**Научный руководитель:** доцент кафедры молекулярной биологии и генетики ФГБОУ ВолгГМУ Минздрава России, к.м.н. Замарин Антон Александрович

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

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

**Цель исследования:** подобрать универсальные олигонуклеотидные праймеры для амплификации протяженных участков геномов изолятов первого и второго генотипа вируса Западного Нила (ВЗН).

### **Задачи исследования:**

1. Осуществить множественное выравнивание геномов изолятов ВЗН первого и второго генотипа с целью обнаружения высокомолекулярных участков генома.
2. Подобрать ,,олигонуклеотидные праймеры, пригодные для амплификации протяженных участков геномов вируса Западного Нила первого и второго генотипа.
3. Осуществить проверку выбранных праймеров, с целью исключения их посадки на последовательности геномов человека, основных переносчиков вируса и культур клеточных линий, используемых для накопления вируса.
4. Подобрать *in silico* параметры термоциклирования с подобранными праймерами, а также подобрать возможные компоненты реакционной смеси.

### **Дизайн исследования:**

1. Первое, сформировать набор последовательностей геномов изолятов ВЗН первого и второго генотипа на основе последовательностей, представленных в базе GenBankNCBI.
2. Далее провести множественное выравнивание с целью обнаружить наиболее протяженные идентичные последовательности.
3. Затем провести подбор олигонуклеотидных праймеров, пригодных для амплификации подобранных последовательностей.
4. После проводится отсеивание праймеров, у которых обнаружатся участки гомологичные с геномом человека.
5. Осуществляется подбор *in silico* параметров термоциклирования для выбранных праймеров, а также подбор компонентов реакционной смеси, которые возможно будет использовать в дальнейшем.

### **Предполагаемые пути решения задач:**

В выпускной квалификационной работе будет изучена разработка методов подготовки библиотеки для секвенирования геномов изолятов вируса на основе амплификации

протяженных участков вирусной РНК. Результатами проделанной работы станут подобранные праймеры с помощью которых можно будет обнаружить вирус Западного Нила в пробах.

Для выполнения работы будут использованы следующие ресурсы: общедоступная база данных GenBank NCBI и средство выравнивания MAFFT, которое позволяет обнаружить локальное сходство между последовательностями. Подбор праймеров будет осуществлен в программе primer-BLAST.

02.10.2020

Исполнитель:

Студентка направления подготовки «Биология»  
профиль Генетика

А.А. Полякова

Научный руководитель:  
доцент кафедры молекулярной биологии  
и генетики ФГБОУ ВолгГМУ Минздрава России,  
к.м.н. доцент

А.А. Замарин

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

И.М. Шпак