

БЕЛОРУССКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ
БИОЛОГИЧЕСКИЙ ФАКУЛЬТЕТ
Кафедра молекулярной биологии

Аннотация к дипломной работе

МАЦКЕВИЧ
Мария Ивановна

**МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА
ШТАММОВ PSEUDOMONAS AERUGINOSA**

Научный руководитель:
Член-корреспондент НАНБ,
доктор медицинских наук,
профессор Л. П. Титов

Минск, 2017

РЕФЕРАТ

Дипломная работа – 47 с., 13 рис, 12 табл., 54 источника.

Pseudomonas aeruginosa, коргеном, вспомогательный геном, мобильные генетические элементы, умеренные бактериофаги, гены резистентности, филогенетический анализ, сравнительный геномный анализ.

Объектами исследования являлись полные геномные последовательности 14 штаммов *Pseudomonas aeruginosa*, а так же нуклеотидные последовательности генов домашнего хозяйства из генома *Pseudomonas syringae* pv. *syringae* B728a.

Целью исследования является проведение анализа внутривидовой геномной изменчивости штаммов *P. aeruginosa*.

В работе использовались биоинформатические методы исследования.

Основными результатами выполненной работы являются:

1. Размер коргенома занимает 82,5% генома *P. aeruginosa*. Вспомогательный геном занимает 17,5% нуклеотидной последовательности *P. aeruginosa*.

2. Во всех геномах присутствовали семейства IS3, IS5, ISNSY. Наиболее активное семейство IS-элементов в геномах *P. aeruginosa* – IS3. В исследуемых геномах *P. aeruginosa* было найдено 20 видоспецифических умеренных бактериофагов и 3 заимствованных (от представителей рода *Salmonella*, *Shigella* и *Bacillus*). Наличие активных МГЭ и большое количество умеренных фагов свидетельствуют о нестабильности геномов, горизонтальном переносе генов.

3. Количество предсказанных генов резистентности к антибиотикам оказалось небольшим. Во всех анализируемых последовательностях встречались одни и те же гены резистентности к β -лактамным антибиотикам: blaOXA-50 и blaPAO, а также устойчивости к фениколу и фосфомицину catB7 и fosA соответственно.

4. В ходе проведения филогенетического анализа была выявлена равноценность точечных мутаций и рекомбинации в формировании последовательностей генов домашнего хозяйства.

5. Между последовательностями нуклеотидов исследованных геномов наблюдался высокий уровень синтении. В геномах были найдены области инверсии. На месте уникальных последовательностей чаще всего выявлялись находились профаги, МГЭ, гены резистентности к антибиотикам и CRISPR-элементы. Пан и коргеном состоят из 9275 и 4793 генов соответственно.

РЭФЕРАТ

Дыпломная праца – 47 с., 13 мал., 12 табл., 54 крыніцы.

Pseudomonas aeruginosa, коргеном, дадатковы геном, мобільныя генетычныя элементы, умераныя бактэрыяфагі, гены рэзістэнтнасці, філагенетычны аналіз, параўнальны геномны аналіз.

Аб'ектамі даследавання з'яўляліся поўныя геномныя паслядоўнасці 14 штамаў *Pseudomonas aeruginosa*, а таксама нуклеатыдныя паслядоўнасці генаў хатняй гаспадаркі з геному *Pseudomonas syringae* pv. *syringae* B728a.

Мэтай даследавання з'яўляецца правядзенне аналізу ўнутрывідавай геномнай зменлівасці штамаў *P. aeruginosa*.

У працы выкарыстоўваліся біяінфарматычныя метады даследавання.

Асноўнымі вынікамі выкананай працы з'яўляюцца:

1. Памер коргеному займае 82,5% геному *P. aeruginosa*. Дадатковы геном займае 17,5% нуклеатыднай паслядоўнасці *P. aeruginosa*.

2. Ва ўсіх геномах прысутнічалі сямействы IS3, IS5, ISNSY. Найбольш актыўнае сямейства IS-элементов у геномах *P. aeruginosa* – IS3. У даследаваных геномах *P. aeruginosa* было знойдзена 20 відаспецыфічных умераных бактэрыяфагаў і 3 запазычаных (ад прадстаўнікоў радоў *Salmonella*, *Shigella* і *Bacillus*). Прысутнасць актыўных МГЭ і вялікая колькасць умераных фагаў сведкуюць аб нестабільнасці геномаў і гарызантальным пераносе генаў.

3. Колькасць прадказаных генаў рэзістэнтнасці да антыбіётыкаў аказалася невялікім. Ва ўсіх паслядоўнасцях, якія былі аналізаваныя, сустракаліся адны і тыя ж гены рэзістэнтнасці да β -лактамных антыбіётыкаў: blaOXA-50 і blaPAO, а таксама ўстойлівасці да феніколу і фосфаміцыну catB7 і fosA адпаведна.

4. Падчас правядзення філагенетычнага аналізу была выяўлена раўнацэннасць кропковых мутацый і рэкамбінацыі ў фарміраванні паслядоўнасці генаў хатняй гаспадаркі.

5. Паміж паслядоўнасці нуклеатыдаў даследаваных геномаў быў адзначаны высокі ўзровень сінтэніі. У геномах былі знойдзеныя вобласці інверсіі. На месцы ўнікальных паслядоўнасцяў часцей за ўсё змяшчаліся прафагі, МГЭ, гены рэзістэнтнасці да антыбіётыкаў і CRISPR-элементы. Пан і коргеном складаюцца з 9275 і 4793 генаў адпаведна.

ABSTRACT

Diploma thesis - 47 p., 13 Fig., 12 Tables, 54 references.

Pseudomonas aeruginosa, core genome, dispensable genome, mobile genetic elements, temperate bacteriophages, resistance genes, phylogenetic analysis, comparative genomic analysis.

The object of the study were complete genomic sequences of 14 strains of *Pseudomonas aeruginosa* and nucleotide sequences of housekeeping genes from *Pseudomonas syringae* pv. *Syringae* B728a genome.

The objective of the study was to analyze the intraspecific genomic variability of strains of *P. aeruginosa*.

In this research we used bioinformatic methods.

The main results of the work are::

1. The size of the core genom occupies 82.5% of the genome of *P. aeruginosa*. The dispensable genome occupies 17.5% of the nucleotide sequence of *P. aeruginosa*.
2. In all genomes there were families IS3, IS5, ISNSY. The most active family of IS elements in the genomes of *P. aeruginosa* is IS3. In the studied genomes of *P. aeruginosa* were found 20 species-specific moderate bacteriophages and 3 borrowed (from Bacteria of the genus *Salmonella*, *Shigella* and *Bacillus*). The presence of active MGE and a large number of temperate bacteriophages testify about the instability of genomes and horizontal gene transfer.
3. The number of predicted resistance to antibiotics genes was small. In all analyzed sequences, were observed the same resistance genes to β -lactam antibiotics: blaOXA-50 and blaPAO, as well as resistance to phenicol and phosphomycin: catB7 and fosA, respectively.
4. Using the phylogenetic analysis, we found an equivalence of point mutations and recombination in the formation of sequences of housekeeping genes.
5. In the explored genomes was observed a high level of syntenity between the nucleotide sequences. In the genomes, inversion regions were found.
6. Prophages, MGE, antibiotic resistance genes, and CRISPR-elements were the most commonly found in place of unique sequences. Pan-genome and core genome consist of 9275 and 4793 genes, respectively.