

МИНИСТЕРСТВО ОБРАЗОВАНИЯ РЕСПУБЛИКИ БЕЛАРУСЬ
БЕЛОРУССКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ
БИОЛОГИЧЕСКИЙ ФАКУЛЬТЕТ
Кафедра микробиологии

ДУБОВИК

Николай Михайлович

ХАРАКТЕРИСТИКА ГЕНОМА KLEBSIELLA PNEUMONIAE
НА ОСНОВЕ ПОЛНОГЕНОМНОГО СЕКВЕНИРОВАНИЯ

Аннотация к дипломной работе

Научный руководитель:
доктор медицинских наук,
профессор Л. П. Титов

МИНСК, 2018

АННОТАЦИЯ

Дипломная работа, 54 с, 9 таблиц, 13 рисунков, 76 источников

Ключевые слова: АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНОСТЬ, СБОРКА ГЕНОМА, ПАНГЕНОМ, АКЦЕССОРНЫЙ ГЕНОМ, ГОРИЗОНТАЛЬНЫЙ ПЕРЕНОС ГЕНОВ

Объекты исследования: изоляты *K. pneumoniae*, выделенные из различных образцов пациентов, проживающих на территории Республики Беларусь, на базе Республиканского научно-практического центра эпидемиологии и микробиологии

Цель работы: сборка геномной последовательности на основе данных полногеномного секвенирования и проведение первичной молекулярно-генетической характеристики изолятов *K. pneumoniae* с помощью анализирующих компьютерных программ и сервисов.

Основные результаты:

- короткие прочтения были собраны в продолжительные контиги, картированы на референсном геноме и преобразованы в единую последовательность;
- определен уровень гомологии изучаемых изолятов, размерности коргенома, акцессорных геномов, а также зависимость роста пангенома с увеличением количества штаммов;
- обнаружены наиболее часто встречаемые семейства мобильных генетических элементов и профаги исследуемых изолятов *K. pneumoniae*
- предсказаны генетические последовательности, отвечающие за реализацию различных механизмов антибиотикоустойчивости по отношению к широкому спектру лекарственных средств
- определены сиквенс-типы изучаемых изолятов и на основе генов домашнего хозяйства построено филогенетическое дерево

МІНІСТЭРСТВА АДУКАЦЫІ РЭСПУБЛІКІ БЕЛАРУСЬ
БЕЛАРУСКІ ДЗЯРЖАЎНЫ ЎНІВЕРСІТЭТ
БІЯЛАГІЧНЫ ФАКУЛЬТЭТ
Кафедра мікрабіялогіі

ДУБОВІК
Мікалай Міхайлаіч

ХАРАКТАРЫСТЫКА ГЕНОМУ KLEBSIELLA PNEUMONIAE
НА АСНОВЕ ПАУНАГЕНОМНАГА СЕКВЕНІРАВАННЯ

Анатацыя да дыпломнай работы

Навуковы кіраўнік:
доктар медыцынскіх навук,
прафесар Л. П. Цітоў

МІНСК, 2018

АНАТАЦЫЯ

Дыпломная работа, 54 с, 9 табліц, 13 малюнкаў, 76 крыніц

Ключавыя словы: АНТЫБІЁТЫКАРЭЗІСТЭНТНАСЦЬ, ЗБОРКА ГЕНОМУ, ПАНГЕНОМ, АКЦЭССАРНЫ ГЕНОМ, ГАРЫЗАНТАЛЬНЫ ПЕРАНОС ГЕНАЎ

Аб'екты даслядавання: ізаляты *K. pneumoniae*, выдзеленыя з розных узораў пацыентаў, пражываючых на тэрыторыі Рэспублікі Беларусь, на базе Рэспубліканскага навукова-практычнага цэнтру эпідэміялогіі і мікрабіялогіі.

Мэта работы: зборка геномных паслядоўнасцей на аснове даных паўнагеномнага секвеніравання і правядзенне пярвічнай малекулярна-генетычнай характарыстыкі ізалятаў *K. pneumoniae* з дапамогай аналізуючых камп'ютарных праграм ды сэрвісаў.

Асноўныя вынікі:

- кароткія прачытанні былі сабраныя ў праціглыя канцігі, картыраваныя на рэферансным геноме і пераўтвораны ў адзіную паслядоўнасць;
- вызначаны ўзровень гамалогіі даследчых ізалятаў, размернасці коргенама, акцэсарных геномаў, а таксама залежнасць росту пангенама з павялічваннем колькасці штаммаў;
- выяўлены найбольш часта сустракаемыя сем'і мабільных генетычных элементаў і прафагі даследчых ізалятаў *K. pneumoniae*
- прадказаны генетычныя паслядоўнасці, адпавядаючыя рэалізацыі розных механізмаў антыбіётыкаўстойлівасці ў адносінах да шырокага спектра лекавых сродкаў;
- выяўлены сіквенс-тыпы даследчых ізалятаў і на аснове генаў хатняй гаспадаркі пабудавана філагенетычнае дрэва.

MINISTRY OF EDUCATION OF THE REPUBLIC OF BELARUS
BELARUSIAN STATE UNIVERSITY
BIOLOGICAL FACULTY
Microbiology department

DUBOVIK

Nickolay Michailovich

GENOME CHARACTERIZATION OF KLEBSIELLA
PNEUMONIAE BASED ON WHOLE-GENOME SEQUENCING

Annotation for the thesis work

Scientific supervisor:

MD

professor L. P. Titov

MINSK, 2018

ANNOTATION

Thesis work, 54 p, 9 tables, 13 pictures, 76 sources

Key words: ANTIBIOTIC RESISTANCE, GENOME ASSEMBLY, PANGENOME, ACCESSORY GENOME, HORIZONTAL GENE TRANSFER

The objects of study: isolates, obtained from different samples of patients living in the territory of the Republic of Belarus, on the basis of The Republican Research and Practical Center for Epidemiology and Microbiology.

Objectives of work: assembling the genomic sequence based on the data of full genomic sequencing and carrying out the primary molecular-genetic characteristics of isolates of *K. pneumoniae* with the help of analyzing computer programs and services.

Main results:

- Short reads were collected in contigs, mapped on the reference genome and transformed into a single sequence.
- We determined the level of homology of the studied isolates, sizes of the core genome, accessory genomes, and dependence pan-genome growth with increasing amounts of the strains.
- We found the most common families of mobile genetic elements and the prophages of the investigated isolates of *K. pneumoniae*.
- We have predicted genetic sequences responsible for the implementation of various antibiotic resistance mechanisms in relation to a wide range of drugs.
- We have identified the sequence types of the studied isolates and built phylogenetic tree based on the housekeeping genes