

МИНИСТЕРСТВО ОБРАЗОВАНИЯ РЕСПУБЛИКИ БЕЛАРУСЬ
БЕЛОРУССКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ
БИОЛОГИЧЕСКИЙ ФАКУЛЬТЕТ
Кафедра микробиологии

ДУБОВИК

Полина Игоревна

ХАРАКТЕРИСТИКА ГЕНОМА *PSEUDOMONAS AERUGINOSA*
НА ОСНОВЕ ДАННЫХ ПОЛНОГЕНОМНОГО СЕКВЕНИРОВАНИЯ

Аннотация к дипломной работе

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

Минск, 2018

АННОТАЦИЯ

Дипломная работа, 76 страниц, 16 таблиц, 21 рисунок, 86 источников.

Ключевые слова: ПСЕВДОМОНАДЫ, ПОЛНОГЕНОМНОЕ СЕКВЕНИРОВАНИЕ, СБОРКА ГЕНОМА, ПАНГЕНОМ, АКЦЕССОРНЫЙ ГЕНОМ, КОРГЕНОМ, ГОРИЗОНТАЛЬНЫЙ ПЕРЕНОС ГЕНОВ, АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНОСТЬ, ВИРУЛЕНТНОСТЬ, СИКВЕНС-ТИП, СЕРОТИП

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

Цель работы: сборка геномных последовательностей на основе данных полногеномного секвенирования и проведение первичной молекулярно-генетической характеристики штаммов *P. aeruginosa* при помощи анализирующих компьютерных программ и веб-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 от увеличения количества штаммов;
- Обнаружены наиболее часто встречаемые семейства мобильных генетических элементов и профаги исследуемых штаммов *P. aeruginosa*;
- Найдены основные гены вирулентности и предсказаны генетические последовательности, отвечающие за реализацию различных механизмов антибиотикоустойчивости по отношению к широкому спектру лекарственных средств;
- Определены сиквенс-типы изучаемых изолятов и эволюционное родство между штаммами по генам «домашнего хозяйства».

МІНІСТЭРСТВА АДУКАЦЫІ РЭСПУБЛІКІ БЕЛАРУСЬ
БЕЛАРУСКІ ДЗЯРЖАЎНЫ ЎНІВЕРСІТЭТ
БІЯЛАГІЧНЫ ФАКУЛЬТЭТ
Кафедра мікрабіялогіі

ДУБОВІК
Паліна Ігараўна

ХАРАКТАРЫСТЫКА ГЕНОМУ *PSEUDOMONAS AERUGINOSA*
НА АСНОВЕ ПАЎНАГЕНОМНАГА СЕКВЕНІРАВАННЯ

Анатацыя да дыпломнай работы

Навуковы кіраўнік:
член-карэспандэнт НАНБ
доктар медыцынскіх навук,
прафесар Л. П. Цітоў

Мінск, 2018

АНАТАЦЫЯ

Дыпломная работа, 76 старонак, 16 табліц, 21 малюнкаў, 86 крыніц.

Ключавыя словы: ПСЕЎДАМАНАДЫ, ПАЎНАГЕНОМНАЕ СЕКВЕНІРАВАННЕ, ЗБОРКА ГЕНОМУ, ПАНГЕНОМ, АКЦЭССАРНЫ ГЕНОМ, ГАРЫЗАНТАЛЬНЫ ПЕРАНОС ГЕНАЎ, АНТЫБІЁТЫКАРЭЗІСТЭНТНАСЦЬ, ВИРУЛЕНТНАСЦЬ, СІКВЭНС-ТЫП, СЕРАТЫП

Аб'екты даслядавання: ізаляты *P. aeruginosa*, 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 пярвочнай малекулярна-генетычнай характарыстыкі штамаў *P. aeruginosa* з дапамогай аналізуючых камп'ютарных праграм ды сэрвісаў.

Асноўныя вынікі:

- Кароткія прачытанні былі сабраны ў праціглыя канцігі, картыраваны на рэферансным геноме і пераўтвораны ў адзіную паслядоўнасць;
- Вызначаны ўзровень гамалогіі даследчых ізалятаў, размернасці коргеному, акцэсарных геномаў, а таксама залежнасць росту пангенома з павялічваннем колькасці штаммаў;
- Выяўлены найбольш часта сустракаемыя сем'і мабільных генетычных элементаў і прафагі даследчых штамаў *P. aeruginosa*;
- Знойдзены асноўныя гены вірулентнасці і прадказаны генетычныя паслядоўнасці, адпавядаючыя рэалізацыі розных механізмаў антыбіётыкаўстойлівасці ў адносінах да шырокага спектра лекавых сродкаў;
- Выяўлены сіквенс-тыпы даследчых ізалятаў і эвалюцыйнае раство паміж штамаў па генах «хатняй гаспадаркі».

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

DUBOVIK
Polina Igorevna

CHARACTERIZATION OF GENOME OF *PSEUDOMONAS*
***AERUGINOSA* BASED ON WHOLE-GENOME SEQUENCING**

Annotation for the thesis

Scientific supervisor:
member of NASB, MD
professor L. P. Titov

Minsk, 2018

ANNOTATION

Thesis, 76 pages, 16 tables, 21 drawings, 86 sources.

Key words: PSEUDOMONAS, WHOLE GENOME SEQUENCING, GENOME ASSEMBLY, PAN-GENOME, ASSESSORY GENOME, CORGENOME, HORIZONTAL GENE TRANSFER, ANTIBIOTIC RESISTANCE, VIRULENCE, SEQUENCE TYPE, SEROTYPE

Objects of the thesis: *P. aeruginosa* isolates extracted from various samples of patients living in the territory of the Republic of Belarus on the base of the Republican Research and Practical Center for Epidemiology and Microbiology.

The aim of research was to assemble genomic sequences on the base of data of full genomic sequencing and to compile the primary molecular-genetic characteristics of *P. aeruginosa* strains with the help of analyz of computer programs and web services.

Main results:

- Short reads were collected in contigs, mapped on the reference genome and converted into a single sequence;
- The level of homology of the studied isolates, the dimension of the corgenom, accessory genome and the dependence of the growth of pangenome on the increase in the number of strains were determined;
- The most common families of mobile genetic elements and prophages of the studied *P. aeruginosa* strains were found;
- The main genes of virulence were found and genetic sequences that are responsible for the implementation of various antibiotic resistance mechanisms in relation to a wide range of medicines were predicted;
- Sequence types of studied isolates and evolutionary correlation between strains according to housekeeping genes were determined.