

МИНИСТЕРСТВО ОБРАЗОВАНИЯ РЕСПУБЛИКИ БЕЛАРУСЬ
БЕЛОРУССКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ
БИОЛОГИЧЕСКИЙ ФАКУЛЬТЕТ
Кафедра зоологии

МАЗУРКЕВИЧ
Олег Юрьевич

ВАРИАБИЛЬНОСТЬ ПЦР-ПДРФ СТРУКТУРЫ ГЕНА COITLÉЙ

Аннотация к дипломной работе

Научный руководитель:
кандидат биологических наук,
доцент Н.В. Воронова

Допущен к защите
«___» 2019 г.
Зав. кафедрой зоологии

доктор биологических наук, профессор
С.В. Буга

Минск, 2019

РЕФЕРАТ

Дипломная работа 45 с., 23 рис., 26 источников.

ВАРИАБЕЛЬНОСТЬ, ПЦР-ПДРФ-АНАЛИЗ, МИТОХОНДРИАЛЬНЫЙ ГЕНОМ, ПРОГРАММНОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ

Объект исследования: нуклеотидные последовательности ДНК трех таксонов насекомых: *Aphididae*, *Coccidae* *Aleyrodidae*.

Цель работы: Разработка программного обеспечения, которое позволит отображать и находить все возможные сайты рестрикции на изучаемом количестве нуклеотидных последовательностей, которые задаст пользователь, а также проведение сравнительного анализа 3 групп насекомых, для поиска уникальных для каждой группы рестриктаз

Методы исследования: биоинформационные.

В ходе выполнения работы было создано программное обеспечение с помощью которого выравнивается любое количество нуклеотидных последовательностей. Далее на этих нуклеотидных последовательностях идет поиск сайтов рестрикции и строятся рестрикционные карты в 2 двух вариантах: таблицы и графически. В ходе исследования были проанализированы рестрикционные карты каждой из исследуемых 295 нуклеотидных последовательностей трех таксонов насекомых. Были обнаружены уникальные для каждого таксона рестриктазы и рестриктазы встречающиеся в двух таксонах и отсутствующие в третьем, что дает возможность распознать к какому таксону вид принадлежит.

РЭФЕРАТ

Дыпломная работа 45 с, 23 мал., 26 крын.

ВАРЫЯБЕЛЬНАСЦЬ, ПЦР, ПДРФ, МІТАХАНДРЫЯЛЬНЫ ГЕНОМ, ПРАГРАММАЕ ЗАБЯСПЛЯЧЭННЕ

Аб'ект даследавання: нуклеатыдныя паслядоўнасці ДНК трох тансонаўнасякомых:*Aphididae*, *Coccidae* *Aleyrodidae*.

Мэта працы: Стварэнне праграммнага забяспечэння, якое дазволіць іллюстраваць ізнаходзіць усе магчымыя сайты рэстрывкцыі навывучаемай колькасці нуклеатыдных паслядоўнасцяў, якія задасць карыстальніку, а таксама правядзенне паралельнага аналізу трох групай насякомых, для пошуку ўнікальных для кожнай групы рэстрывктаў.

Метады даследавання: біяінфармацыйныя

У ходзе выканання працы была зроблена праграмма з дапамогай якой выраўноўваюцца любые колькасці нуклеатыдных паслядоўнасцяў. Затым на гэтых нуклеатыдных паслядоўнасцяў ідзе пошук сайтаў рэстрывкцыі і будуюцца рэстрывкцыйныя карты ў 2 варыянтах: табліцы і графічна. У ходзе даследавання былі прааналізаваныя рэстрывкцыйныя карты кожнай з доследаваных 295 нуклеатыдных паслядоўнасцяў трох тансонаў насякомых. Былі выяўлены ўнікальныя для кожнага таксона рэстрывктызы і рэстрывктызы якія сустракаюцца ў двух таксонаў і якія адсутнічаюць у трэцім, што дае магчымасць распознання да якога таксонуналежыць пэўны від.

ABSTRACT

Graduate work 45 p., 23pict.,26 references.

VARIABILITY, PCR-RFLP-ANALYSIS, MITOCHONDRIAL GENOM, PROGRAM

Object of research: nucleic acid sequenceof three groups of insects: *Aphididae*, *Coccidae* *Aleyrodidae*.

Aimofwork:Programdevelopment, which will allow to diplay and find all possible restriction sites on study amount nucleotide sequence, which the user will ask, also making of a differential display of three groups of insects, with the aim of searching unique restriction endonuclease for every group.

Research methods:bioinfirmatic

In the course of the work, software was created with the help of which any number of nucleotide sequences is aligned. Further, onthesenucleotide sequences, the search for restriction sites is carried out and restriction maps are constructed in 2 two versions: tables and graphically. During the study, restriction maps of all researched 295 nucleotide sequences of three taxons of insects were analyzed. There were found unique restriction endonuclease for every taxon, and restriction endonucleases meeting in two taxons and missing in third taxon, what gives the possibility to determine an implement of a specie.

