

МИНИСТЕРСТВО ОБРАЗОВАНИЯ РЕСПУБЛИКИ БЕЛАРУСЬ
БЕЛОРУССКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ
БИОЛОГИЧЕСКИЙ ФАКУЛЬТЕТ
Кафедра молекулярной биологии

Аннотация к дипломной работе

ПЛЕСКУНОВА
АНДРЕЯ СЕРГЕЕВИЧА

АНАЛИЗ СЕМЕЙСТВА ТРАНСКРИПЦИОННЫХ ФАКТОРОВ TETR

Научный руководитель:
кандидат биологических наук,
доцент Е.А. Николайчик, Ph.D.

Минск, 2021

РЕФЕРАТ

Дипломная работа: 50 с., 34 рис., 4 табл., 65 источников.

Ключевые слова: *E. coli* K-12, TetR, биоинформатика.

Объект исследования: протеом *E. coli* K-12.

Цель: построение калиброванных профилей для семейства TetR

Методы исследования: биоинформационные.

Молекулярные механизмы регуляции клеточного ответа до сих пор не изучены полностью и являются актуальной проблемой современности в связи с увеличивающимся количеством геномных данных. Функциональная аннотация генома клеток позволит улучшить понимание регуляции клеточного ответа, что в свою очередь поможет в сельском хозяйстве, медицине, биотехнологии.

Роль структурных переключателей биохимических путей отведена транскрипционным факторам. Одним из семейств транскрипционных факторов является семейство TetR. Данное семейство ответственно за устойчивость к антибиотикам, осмотический стресс, транспорт через помпы, биосинтез антибиотиков и др.

В этом исследовании были идентифицированы предполагаемые сайты связывания транскрипционных факторов для транскрипционных факторов семейства TetR. С помощью программ TOMTOM и matrix-clustering была оценена достоверность открытых сайтов связывания. На основании анализа литературы были откалиброваны профили для семейства TetR. Данные профили можно использовать для поиска схожих регуляторов из этого же семейства регуляторов для быстрой аннотации в других видах прокариот в том числе и патогенных.

РЭФЕРАТ

Дыпломная работа: 50 с., 34 мал., 4 табл., 65 крыніц.

Ключавыя словы: *E. coli* K-12, TetR, біяінфарматыка.

Аб'ект даследавання: протэом *E. coli* K-12.

Мэта: пабудова калібраваных профіляў для сямейства TetR

Метады даследавання: біоінфармацыйныя.

Малекулярныя механізмы рэгуляцыі клеткавага адказу да гэтага часу не вывучаны цалкам і з'яўляюцца актуальнай праблемай сучаснасці ў сувязі з гэтым ўскладняецца колькасцю геномных дадзеных. Функцыянальная анатацыя геному клетак дазволіць палепшыць разуменне рэгуляцыі клеткавага адказу, што ў сваю чаргу дапаможа ў сельскай гаспадарцы, медыцыне, біятэхналогіі.

Ролю структурных перамякачоў біяхімічных шляхоў адведзена транскрыпцыйных фактараў. Адным з сямейства транскрыпцыйных фактараў з'яўляецца сямейства TetR. Дадзенае сямейства адказна за ўстойлівасць да антыбіётыкаў, асматычны стрэс, транспарт праз помпы, біясінтэз антыбіётыкаў і інш.

У гэтым даследаванні былі ідэнтыфікаваныя меркаваныя сайты звязвання транскрыпцыйных фактараў для транскрыпцыйных фактараў сямейства TetR. З дапамогай праграм ТОМТОМ і matrix-clustering была ацэнена дакладнасць адкрытых сайтаў звязвання. На падставе аналізу літаратуры былі адкалібраваныя профілі для сямейства TetR. Дадзеныя профілі можна выкарыстоўваць для пошуку падобных рэгулятараў з гэтага ж сямейства рэгулятараў для хуткай анатацыі ў іншых відах пракарыёт у тым ліку і патагенных.

SUMMARY

Diploma work: 50 pages, 34 figures, 4 tables, 65 sources.

Keywords: *E. coli* K-12, TetR, bioinformatics.

The object of the research: proteome *E. coli* K-12.

The aim of the research: construction of calibrated profiles for the TetR family

The research methods: bioinformatics methods.

The molecular mechanisms of regulation of the cellular response have not yet been fully understood and are an urgent problem of our time in connection with the increasing amount of genomic data. Functional annotation of the cell genome will improve understanding of the regulation of the cellular response, which in turn will help in agriculture, medicine, and biotechnology.

The role of structural switches in biochemical pathways is assigned to transcription factors. One of the families of transcription factors is the TetR family. This family is responsible for antibiotic resistance, osmotic stress, pump transport, antibiotic biosynthesis, etc.

In this study, putative transcription factor binding sites for the TetR family of transcription factors were identified. Using the programs TOMTOM and matrix-clustering, the reliability of the open binding sites was assessed. Based on the analysis of the literature, the profiles for the TetR family were calibrated. These profiles can be used to search for similar regulators from the same regulator family for quick annotation in other prokaryotic species, including pathogenic ones.