

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

ВАСИЛЬЕВА

Алина Владимировна

**«ХАРАКТЕРИСТИКА ТРАНСКРИПЦИОННЫХ ФАКТОРОВ
СЕМЕЙСТВА GNTR *PESTOVACTERIUM ATROSEPTICUM*»**

Дипломная работа

Научный руководитель:

К.б.н., доцент

Николайчик Е.А.

Консультант:

к.ф.-м.н., доцент

Скакун В.В.

Минск, 2022

РЕФЕРАТ

Дипломная работа 35 с, 20 рис., 4 табл., 38 источников.

Ключевые слова: Транскрипционные факторы (ТФ), *Pectobacterium atrosepticum* 21 A (*Pat* 21A), сайты связывания транскрипционного фактора (ССТФ), регулон, операторный мотив, транскрипционные единицы (ТЕ), биоинформатика, Sigmoid.

Объект исследования: фитопатогенные бактерии *Pectobacterium atrosepticum* 21A, вызывающие «черную ножку» и «мягкую гниль» картофеля.

Цель: рассмотреть транскрипционные факторы семейства GntR в геноме *Pectobacterium atrosepticum* 21A. Определить подсемейство для каждого белка, предположить гены и функцию регулона, которые регулирует данный ТФ.

Методы исследования: биоинформационные.

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

Структурными переключателями биохимических путей являются транскрипционные факторы. Одним из семейств транскрипционных факторов является семейство GntR. Семейство GntR контролирует жизненно важные функции, включая гомеостаз, утилизацию целлобиозы, галактозы, гамма-аминобутирата и участвует в комплексе пируватдегидрогеназы.

В данной работе были идентифицированы сайты связывания транскрипционных факторов семейства GntR в геноме *Pat* 21A при помощи программы Sigmoid и разделены на подсемейства, также описаны регулоны, которые контролируют ТФ. На основании анализа литературы были откалиброваны профили для семейства GntR. 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 35 старонкі, 20 малюнкаў, 4 табліцы, 38 крыніц.

Ключавыя словы: Фактары транскрыпцыі (ТФ), *Pectobacterium Atrosepticum* 21 A (*Pat* 21A), сайты звязвання фактару транскрыпцыі (ССТФ), рэголон, матыў аператара, адзінак транскрыпцыі (ТЕ), біяінфарматыкі, сігмападобная.

Аб'ект даследавання: фітапатагенныя бактэрыі *Pectobacterium atrosepticum* 21A, якія выклікаюць «чорную ножку» і «мяккую гнілату» бульбы.

Мэта даследавання: разгледзець транскрыпцыйных фактары сямейства GntR ў геноме *Pectobacterium atrosepticum* 21A. Вызначыць подсмейство для кожнага бялку, выказаць здагадку гены і функцыю рэгуляну, якія рэгулюе дадзены ТФ.

Метады даследавання: біоінфармацыйныя.

Малекулярныя механізмы рэгуляцыі клеткавай рэакцыі не былі цалкам вывучаны і з'яўляюцца вострай праблемай сучаснасці з-за павелічэння колькасці геномных дадзеных. Функцыянальны рэферат клетак можа палепшыць разуменне рэгуляцыі клеткавай рэакцыі, што, у сваю чаргу, дапаможа ў біятэхналогіі, сельскай гаспадарцы і медыцыне.

Структурныя выключальнікі біяхімічных шляхоў з'яўляюцца транскрыпцыйнымі фактарамі. Адзін з сем'яў фактараў транскрыпцыі - гэта сям'я GntR. Сямейства GntR кантралюе жыццёва важныя функцыі, уключаючы гамеастаз, утлабіёз, галактозу, гама-амінабутырат і трактуюць у комплексе піруватдэгідрагеназы.

У гэтым артыкуле былі ідэнтыфікаваны цацанкі фактараў транскрыпцыі сямейства GntR у геноме *Pat* 21A з выкарыстаннем праграмы Sigmoid і падзяляюцца на падсмейства, таксама апісаны рэгуляцыі ТФ. Зыходзячы з аналізу літаратуры, профілі для сям'і GntR былі адкалібраваны. Гэтыя профілі могуць быць выкарыстаны для пошуку падобных рэгулятараў з аднаго і таго ж сямейства рэгулятараў для хуткай анатацыі ў іншых тыпах пракарыётаў, у тым ліку патагенных

ABSTRACT

Diploma work: 35 pages, 20 figures, 4 tables, 38 sources.

Key words: Transcription factors (TFs), *Pectobacterium atrosepticum* 21 A (Pat 21A), transcription factor binding sites (TFFs), regulon, operon motif, transcription units (TU), bioinformatics, Sigmoid.

The aim of the research: the phytopathogenic bacteria *Pectobacterium atrosepticum* 21A, which causes black leg and soft rot in potatoes.

The aim of the research: consider the GntR family transcription factors in the *Pectobacterium atrosepticum* 21A genome. Identify the subfamily for each protein, suggest the genes and the function of the regulon that regulates this TF.

The research methods: bioinformatics methods.

The molecular mechanisms of cell response regulation are not fully understood and are an urgent contemporary problem due to the increasing amount of genomic data. Functional annotation of the cell genome may improve the understanding of cell response regulation, which in turn will help in biotechnology, agriculture, and medicine.

Structural switches in biochemical pathways are transcription factors. One family of transcription factors is the GntR family. The GntR family controls vital functions including homeostasis, utilisation of cellobiose, galactose, gamma-aminobutyrate and is involved in the pyruvate dehydrogenase complex.

In this work, I have identified GntR family transcription factor binding sites in Pat 21A genome using Sigmoid software and subdivided them into subfamilies and described the regulons that control TFs. Profiles for the GntR family have been calibrated based on a literature review. These profiles can be used to search for similar regulons from the same regulon family for rapid annotation in other prokaryote species, including pathogens.