

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

Аннотация к дипломной работе

**ВЫШИДКЕВИЧ**

Владислав Вадимович

**ХАРАКТЕРИСТИКА ТРАНСКРИПЦИОННЫХ ФАКТОРОВ**  
**СЕМЕЙСТВА AraC *PESTOBACTERIUM VERSATILE***

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

Минск, 2022

## РЕФЕРАТ

Дипломанная работа 40 с., 18 рис., 1 табл, 89 источников.

### ХАРАКТЕРИСТИКА ТРАНСКРИПЦИОННЫХ ФАКТОРОВ СЕМЕЙСТВА AraC/XylS *PECTOBACTERIUM VERSATILE*

**Объект исследования:** геном *Pectobacterium versatile* 3-2

**Цель работы:** Целью данной работы было проведение аналитического литературного обзора представителей семейства AraC/XylS, Описать регуляторные области для каждого найденного белка.

**Методы исследования:** Биоинформатический анализ при помощи программы Sigmoid, включая пакеты The MEME Suite, TOMTOM, nhmer. Работа с базами данных RegPrescise, KEGG, RegulonDB, CDD, а также изучение научной литературы.

**Полученные результаты:** Подобраны профили, по которым можно произвести поиск ДНК-связывающих сайтов для регуляторных белков AraC/XylS. Показаны вероятные сайты связывания с ДНК транскрипционных факторов семейства AraC/XylS. Обозначены функции генов, расположенных в области связывания. Описано как минимум два регулона среди членов AraC. На основании этого выдвинуты предположения о том, какие участки регулирует тот или иной фактор транскрипции.

## РЭФЕРАТ

Дыпломная праца 40 с., 18 мал., 1 табліцы, 89 крыніц.

### ХАРАКТАРЫСТЫКА ТРАНСКРЫПЦЫЙНЫХ ФАКТАРАЎ СЯМЕЙСТВА AraC/XylS *PECTOBACTERIUM VERSATILE*

**Аб'ект даследавання:** геном *Pectobacterium versatile* 3-2

**Мэта працы:** Мэтай дадзенай працы было правядзенне аналітычнага літаратурнага агляду прадстаўнікоў сямейства AraC/XylS, Апісаць рэгулятарныя вобласці для кожнага знойдзенага бялку.

**Метады даследавання:** Біяінфарматычны аналіз пры дапамозе праграмы Sigmoid, уключаючы пакеты The MEME Suite, TOMTOM, nhmer. Праца з базамі даных RegPrescise, KEGG, RegulonDB, CDD, а таксама вывучэнне навуковай літаратуры.

**Атрыманыя вынікі:** Падабраны профілі, па якіх можна вырабіць пошук ДНК-якія звязваюць сайтаў для рэгулятарных бялкоў AraC/XylS. Паказаны верагодныя сайты звязвання з ДНК транскрыпцыйных фактараў сямейства AraC / XylS. Пазначаны функцыі генаў, размешчаных у галіне звязвання. Апісана як мінімум два рэгуляны сярод чальцоў AraC. На падставе гэтага вылучаны здагадкі аб тым, якія ўчасткі рэгулюе той ці іншы фактар транскрыпцыі.

## ABSTRACT

Graduation paper: 40 pages, 18 figures, 1 tables, 89 sources.

### CHARACTERISATION OF TRANSCRIPTION FACTORS OF THE AraC/XylS FAMILY *PECTOBACTERIUM VERSATILE*

**Subject of research:** *Pectobacterium versatile* 3-2 genome

**Research objective:** The purpose of this work was to conduct an analytical literature review of representatives of the AraC/XylS family. Describe the regulatory regions for each found protein.

**Research methods:** Bioinformatics analysis of the Sigmoid program, including The MEME Suite, TOMTOM, nhmer. Work with databases RegPrescise, KEGG, RegulonDB, CDD, as well as the study of scientific literature.

**Findings:** Profiles were selected, according to the content it is possible to find a small number of DNA-binding sites for the AraC/XylS regulatory proteins. Incredible DNA binding sites for transcription factors of the AraC/XylS family. The functions of the genes associated with the binding region are indicated. At least two regulons have been described among the members of AraC. Based on this put forward as to which sites regulate this or factor transcription.