

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

Аннотация к дипломной работе

МИРОН
Александра Александровна

МИКРОБИОМ ДОЛГОЖИТЕЛЕЙ БЕЛАРУСИ

Научный руководитель:
старший научный сотрудник,
кандидат биологических наук
Ю.В. Полюхович

Минск, 2022

РЕФЕРАТ

Дипломная работа 50 с, 25 рис., 8 табл., 74 источника.

Ключевые слова: микробиом, секвенирование нового поколения, 16S рибосомальная РНК, выделение ДНК, ПЦР.

Объект исследования: образцы биоматериала людей в возрасте от 60 до 90 лет, анализ микробного генетического материала и видового разнообразия микробиома.

Цель: определение видового разнообразия микроорганизмов желудочно-кишечного тракта и их связь с долгожительством.

Методы исследования: спектрофотометрические, молекулярно-генетические (выделение ДНК, амплификация ПЦР, очистка ПЦР-продукта, индексная ПЦР, электрофорез), биохимические (экстракция веществ), а также методы биоинформатики.

В результате исследовательской работы было проведено секвенирование 16S рибосомальной РНК пятнадцати образцов. По итогам исследования было определено видовое разнообразие микробиома. Наиболее преобладающими семействами микроорганизмов являются *Ruminococcaceae*, *Clostridiaceae*, *Lachnospiraceae*, *Prevotellaceae* и *Verrucomicrobiaceae*. Данные семейства относятся к типу *Bacteroidetes* и *Firmicutes*.

РЭФЕРАТ

Дыпломная работа 50 с, 25 мал., 8 табл., 74 крыніцы.

Ключавыя словы: мікрабіём, секвеніраванне новага пакалення, 16S рыбасомальная РНК, вылучэнне ДНК, ПЦР.

Аб'ект даследавання: пробы біяматэрыялу людзей ва ўзросце ад 60 да 90 гадоў, аналіз мікробнага генетычнага матэрыялу і відавой разнастайнасці мікрабіёмы.

Мэта даследавання: вызначэнне відавой разнастайнасці мікраарганізмаў страўнікава-кішачнага тракт і іх сувязь з доўгажыварствам.

Метады даследавання: спектрафатометрычныя, малекулярна-генетычныя (вылучэнне ДНК, ампліфікацыя ПЦР, ачыстка ПЦР-прадукта, індэксная ПЦР, электрофарэз), біяхімічныя (экстракцыя рэчываў), а таксама метады біяінфарматыкі.

У выніку даследчай працы было праведзена секвеніраванне 16S рыбасамальнай РНК пятнаццаці проб. Па выніках даследавання была вызначана відавая разнастайнасць мікрабіёмы. Найбольш пераважнымі сямействамі мікраарганізмаў з'яўляюцца *Ruminococcaceae*, *Clostridiaceae*, *Lachnospiraceae*, *Prevotellaceae* і *Verrucomicrobiaceae*. Дадзеныя сямейства адносяцца да тыпу *Bacteroidetes* і *Firmicutes*.

ABSTRACT

Diploma project 50 p., 25 fig., 8 tab., 74 sources.

Key words: microbiome, next generation sequencing, 16S ribosomal RNA, DNA isolation, PCR.

The aim of the research: samples of biomaterial of people aged 60-90 years, analysis of microbial genetic material and species diversity of microbiome.

The research methods: determination of species diversity of gastrointestinal microorganisms and their association with longevity.

As a result of the research work, sequencing of 16S ribosomal RNA of fifteen samples was carried out. Based on the results of the study, the species diversity of the microbiome was determined. The most predominant families of microorganisms are *Ruminococcaceae*, *Clostridiaceae*, *Lachnospiraceae*, *Prevotellaceae* and *Verrucomicrobiaceae*. These families belong to the types *Bacteroidetes* and *Firmicutes*.