

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

Аннотация к дипломной работе

МОЛОДЫХ
ЕКАТЕРИНА ВИТАЛЬЕВНА

ХАРАКТЕРИСТИКА ТРАНСКРИПЦИОННЫХ ФАКТОРОВ
СЕМЕЙСТВА GNTR *PESTOVACTERIUM VERSATILE*

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

Минск, 2022

РЕФЕРАТ

Дипломная работа 43 с., 24 рис., 4 табл., 27 источников.

Ключевые слова: транскрипционные факторы, *Pectobacterium versatile*, мотив, сайт связывания, регулон.

Объект исследования: бактерия *Pectobacterium versatile* 3-2.

Цель исследования Характеристика транскрипционных факторов семейства семейства GntR в геноме *Pectobacterium versatile* 3-2.

Методы исследования: Биоинформатический анализ при помощи программы SigmID, включающей пакеты The MEME Suite, TOMTOM, nhmer. Работа с базами данных RegPrescise, CDD, Pfam, изучение научной литературы.

Полученные результаты.: Семейство транскрипционных факторов GntR у *Pectobacterium versatile* 3-2 представлено 22 транскрипционными факторами. Транскрипционные факторы семейства GntR у *Pectobacterium versatile* относятся к трем основным подсемействам. Половина является членами подсемейства FadR, остальные примерно поровну распределяются по подсемействам MocR и HutC. С помощью различных подходов идентифицированы операторные мотивы для 18 транскрипционных факторов этого семейства. Анализ регулонов, контролируемых транскрипционными факторами GntR-семейства, показал их участие в регуляции важных для фитопатогена свойств: транспортных систем, дыхания, метаболизма фосфонатов, уронатов, мочевины и жирных кислот.

РЭФЕРАТ

Дипломная работа 43 с., 24 рис., 4 табл., 27 источников.

Ключевые слова: транскрипцыйныя фактары, *Pectobacterium versatile*, матыў, сайт звязку, рэгулон.

Аб'ект даследавання: бактэрыя *Pectobacterium versatile* 3-2.

Мэта даследвання: Характарыстыка транскрипцыйных фактараў сямейства GntR ў геноме *Pectobacterium versatile* 3-2.

Метады даследвання: Біяінфарматычны аналіз пры дапамозе праграмы Sigmoid, уключаючы пакеты The MEME Suite, TOMTOM, nhmer. Праца з базамі дадзеных RegPrescise, CDD, Pfam, вывучэнне навуковай літаратуры.

Атрыманыя вынікі: Сямейства транскрипцыйных фактараў GntR ў *Pectobacterium versatile* 3-2 прадстаўлена 22 транскрипцыйнымі фактарамі. Транскрипцыйныя фактары сямейства GntR у *Pectobacterium versatile* ставяцца да трох асноўных падсямействаў. Палова з'яўляецца членамі подсямейства FadR, астатнія прыкладна пароўну размяркоўваюцца па подсямействам MocR і HutC. З дапамогай розных падыходаў ідэнтыфікаваны аператарныя матывы для 18 транскрипцыйных фактараў гэтага сямейства. Аналіз рэгулонаў, якія кантралююцца транскрипцыйнымі фактарамі GntR-сямейства, паказаў іх удзел у рэгуляцыі важных для фітапатагена уласцівасцяў: транспартных сістэм, дыхання, метабалізму фасфанатаў, уранат, мачавіны і тлустых кіслот.

ABSTRACT

Diploma project 43 p., 24 fig., 4 tables, 27 sources.

Key words: **transcription factors**, *transcription factors*, *Pectobacterium versatile*, *motif*, *binding site*, *regulon*.

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

The aim of the research: Characterization of transcription factors of the GntR family in the genome of *Pectobacterium versatile* 3-2.

The research methods: Bioinformatics analysis using the Sigmold program, including The MEME Suite, TOMTOM, nhmmer. Working with RegPrecise, CDD, Pfam databases, studying scientific literature.

Findings: The GntR family of transcription factors in *Pectobacterium versatile* 3-2 is represented by 22 transcription factors. The transcription factors of the GntR family in *Pectobacterium versatile* belong to three main subfamilies. Half are members of the FadR subfamily, the rest are roughly evenly distributed among the MocR and HutC subfamilies. Using various approaches, operator motifs for 18 transcription factors of this family have been identified. Analysis of the regulons controlled by transcription factors of the GntR family showed their participation in the regulation of properties important for the phytopathogen: transport systems, respiration, metabolism of phosphonates, uronates, urea, and fatty acids.