

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

Аннотация к дипломной работе

ДОВИДОВИЧ
СТЕПАН ВЛАДИМИРОВИЧ

«ХАРАКТЕРИСТИКА ТРАНСКРИПЦИОННЫХ ФАКТОРОВ
СЕМЕЙСТВА DEOR»

Научный руководитель:
доцент Е.А. Николайчик, Ph.D.

Минск, 2023

РЕФЕРАТ

Дипломная работа: 35 с., 23 рис., 5 табл., 48 источников.

Ключевые слова: *E. coli* K-12, DeoR, базы данных, биоинформатика

Объект исследования: геном *E. coli*

Цель: характеристика транскрипционных факторов семейства DeoR и построение калиброванных профилей для этого семейства

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 DeoR. Это семейство ответственно за транспорт и катаболизм сахаров и нуклеозидов.

В этом исследовании были идентифицированы сайты связывания транскрипционных факторов для транскрипционных факторов семейства DeoR. С использованием программы TomTom и экспериментальной литературы была оценена достоверность полученных операторных мотивов. В результате получены профили для семейства DeoR. Данные профили можно использовать для поиска схожих регуляторов из этого же семейства, регуляторов для быстрой аннотации в других видах прокариот.

РЭФЕРАТ

Дыпломная работа: 35 с., 23 мал., 5 табл., 48 крыніц.

Ключавыя словы: *E. coli* K-12, DeoR, базы даных, біяінфарматыка

Аб'ект даследавання: геном *E. coli*

Мэта: характарыстыка транскрыпцыйных фактараў сямейства DeoR і пабудова калібраваных профіляў для гэтага сямейства.

Метады даследавання: біяінфармацыйныя.

Малекулярныя механізмы рэгуляцыі клеткавага адказу да гэтага часу не вывучаны цалкам і з'яўляюцца актуальнай праблемай сучаснасці ў сувязі з павелічэннем колькасці геномных дадзеных. Функцыянальная анатацыя геному клетак дазволіць палепшыць разуменне рэгуляцыі клеткавага адказу, што ў сваю чаргу дапаможа ў сельскай гаспадарцы, медыцыне, біятэхналогіі. Роля структурных перамыкачоў біяхімічных шляхоў адведзена транскрыпцыйным фактарам. Одним з сямействаў транскрыпцыйных фактараў з'яўляецца сямейства DeoR. Гэта сямейства адказнае за транспарт і катабалізм цукроў і нуклеазідаў.

У гэтым даследаванні былі ідэнтыфікаваны сайты звязвання транскрыпцыйных фактараў для транскрыпцыйных фактараў сямейства DeoR. З выкарыстаннем праграмы TomTom і эксперыментальнай літаратуры была ацэнена дакладнасць атрыманых аператарных матываў. У выніку атрыманы профілі для сямейства DeoR. Дадзеныя профілі можна выкарыстоўваць для пошуку падобных рэгулятараў з гэтага ж сямейства, рэгулятараў для хуткай анатацыі ў іншых відах пракарыёт.

ABSTRACT

Diploma project: 35 pp., 23 pics, 5 tables, 48 sources.

Key words: *E. coli* K-12, DeoR, databases, bioinformatics

The object of the research: *E. coli* genome

The aim of the research: characterization of transcription factors of the DeoR family and construction of calibrated profiles for this family

Research methods: bioinformatics.

The molecular mechanisms of regulation of the cellular response are still not fully understood and are an urgent problem of our time due to 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 of biochemical pathways is assigned to transcription factors. One family of transcription factors is the DeoR family. This family is responsible for the transport and catabolism of sugars and nucleosides.

In this study, transcription factor binding sites for transcription factors of the DeoR family were identified. Using the TomTom program and experimental literature, the reliability of the obtained operator motives was assessed. As a result, profiles for the DeoR family were obtained. These profiles can be used to search for similar regulators from the same family, regulators for quick annotation in other species of prokaryotes.