

МИНИСТЕРСТВО ОБРАЗОВАНИЯ РЕСПУБЛИКИ БЕЛАРУСЬ
БЕЛОРУССКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ
БИОЛОГИЧЕСКИЙ ФАКУЛЬТЕТ
Кафедра генетики

ШПАКОВСКАЯ
Юлия Сергеевна

**АНАЛИЗ МЕЖГЕННОГО УЧАСТКА *tmrB-aroK* У ШТАММОВ
BACILLUS SUBTILIS С ИЗМЕНЕННЫМ СИНТЕЗОМ
АРОМАТИЧЕСКИХ КИСЛОТ**

Аннотация
к дипломной работе

Научный руководитель:
кандидат биологических наук,
доцент А. В. Лагодич

Минск, 2022

РЕФЕРАТ

Дипломная работа 45 страниц, 21 рисунок, 5 таблиц, 24 источника литературы.

Ключевые слова: НУКЛЕОТИДНАЯ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЬ, РЕГУЛЯТОРНЫЕ ЭЛЕМЕНТЫ, ПРОМОТОР, ТЕРМИНАТОР, КОМПЬЮТЕРНЫЙ АНАЛИЗ.

Цель работы: анализ нуклеотидной последовательности клонированного участка генома штамма *Bacillus subtilis* ВНИИ Генетика 15 С10 с помощью молекулярно-генетических и биоинформационных подходов.

Объект исследования: межгенный участок *tmrB-aroK* генома *B. subtilis*.

Методы исследования: молекулярно-генетический анализ, математический анализ, анализ *in silico*.

В последнее время сильно возросло число секвенированных прокариотических геномов, что привело к росту количества первичных данных. В связи с этим возросла роль качественной аннотации полученных геномов. Сегодня процесс аннотации все больше автоматизируется, что способствует созданию большого количества платформ, программ и приложений для анализа нуклеотидных последовательностей. Однако часто полученные аннотации не содержат информацию о регуляторных последовательностях генов, что приводит к появлению неточных или ошибочных данных о структуре и функциях генов.

В результате проведенной работы с помощью анализа *in silico* в межгенном участке *tmrB-aroK* генома *B. subtilis* были обнаружены 4 промоторные и 2 терминаторные области с различной вероятностью обнаружения. Проведен анализ клонированного участка генома штамма *Bacillus subtilis* ВНИИ Генетика 15 С10 с помощью молекулярно-генетических и биоинформационных подходов. Анализ показал наличие 4 промоторных и 2 терминаторных регуляторных элемента, имеющих различную вероятность обнаружения. При сравнении результатов, полученных для двух анализируемых последовательностей, было выявлено сходство расположения регуляторных элементов, предсказанных на изучаемом участке генома.

Автором дипломной работы был выполнен аналитический обзор литературы по данной теме, проведен сбор данных. Самостоятельно проведен молекулярно-генетический, компьютерный, статистический анализ нуклеотидной последовательности, интерпретация полученных результатов, их изложение, а также формулировка выводов.

РЭФЕРАТ

Дыпломная праца 45 старонак, 21 малюнак, 5 табліц, 24 крыніцы літаратуры.

Ключавыя словы: НУКЛЕАТЫДНАЯ ПАСЛЯДОЎНАСЦЬ, РЭГУЛЯТАРНЫЯ ЭЛЕМЕНТЫ, ПРОМОТОР, ТЭРМІНАТАР, КАМП'ЮТАРНЫ АНАЛІЗ.

Мэта працы: аналіз нуклеатыднай паслядоўнасці кланаванага ўчастка геному штаму *Bacillus subtilis* УНДІ Генетыка 15 С10 з дапамогай малекулярна-генетычных і біяінфармацыйных падыходаў.

Аб'ект даследавання: межгенны ўчастак *tmrB-aroK* геному *B. subtilis*.

Метады даследавання: малекулярна-генетычны аналіз, матэматычны аналіз, аналіз *in silico*.

У апошні час моцна ўзрасла колькасць секвеніраваных пракарыятычных геномаў, што прывяло да росту колькасці першасных дадзеных. У сувязі з гэтым узрасла роля якаснай анатацыі атрыманых геномаў. Сёння працэс анатацыі ўсё больш аўтаматызуецца, што спрыяе стварэнню вялікай колькасці платформ, праграм і дадаткаў для аналізу нуклеатыдных паслядоўнасцяў. Аднак часта атрыманыя анатацыі не змяшчаюць інфармацыю аб рэгуляторных паслядоўнасцях генаў, што прыводзіць да з'яўлення недакладных або няправільных дадзеных аб структуры і функцыі генаў.

У выніку праведзенай працы з дапамогай аналізу *in silico* ў межгенным участку *tmrB-aroK* геному *B. subtilis* былі выяўленыя 4 проматарныя і 2 тэрмінатарныя вобласці з рознай верагоднасцю выяўлення. Праведзены аналіз кланаванага ўчастка геному штаму *Bacillus subtilis* УНДІ Генетыка 15 С10 з дапамогай малекулярна-генетычных і біяінфармацыйных падыходаў. Аналіз паказаў наяўнасць 4 праматарных і 2 тэрмінатарных рэгуляторных элемента, якія маюць розную верагоднасць выяўлення. Пры параўнанні вынікаў, атрыманых для двух аналізаваных паслядоўнасцяў, было выяўлена падабенства размяшчэння рэгуляторных элементаў, прадбачаных на вывучаемым участку геному.

Аўтарам дыпломнай работы быў выкананы аналітычны агляд літаратуры па дадзенай тэме, праведзены збор дадзеных. Самастойна праведзены малекулярна-генетычны, камп'ютарны, статыстычны аналіз нуклеатыднай паслядоўнасці, інтэрпрэтацыя атрыманых вынікаў, іх выкладанне, а таксама фармулёўка вывадаў.

ABSTRAKT

Diplomarbeit enthält 45 Seiten, 21 Zeichnungen, 5 Tabellen, 24 Literaturquellen.

Schlüsselwörter: NUKLEOTIDSEQUENZ, REGULATORISCHE ELEMENTEN, PROMOTOR, TERMINATOR, COMPUTERANALYSE.

Zweck der Arbeit: Analyse der Nukleotidsequenz des geklonten Genomabschnitts des *Bacillus subtilis*-Stamms in der Genetik 15 C10 mit Hilfe von molekulargenetischen und Bioinformationsansätzen.

Gegenstand der Studie: der intergene Bereich des *tmrB-aroK* Genoms *B. subtilis*.

Forschungsmethoden: molekulare und genetische Analyse, mathematische Analyse, Analyse *in silico*.

Die Anzahl der sequenzierten prokariotischen Genome ist in letzter Zeit stark gestiegen, was zu einem Anstieg der Primärdaten geführt hat. In dieser Hinsicht hat die Rolle der qualitativen Annotation der erhaltenen Genome zugenommen. Heute wird der Annotationsprozess zunehmend automatisiert, was zu einer großen Anzahl von Plattformen, Programmen und Anwendungen für die Analyse von Nukleotidsequenzen beiträgt. Die häufig erhaltenen Anmerkungen enthalten jedoch keine Informationen über regulatorische Gensequenzen, was zu ungenauen oder fehlerhaften Daten über die Struktur und Funktionen von Genen führt.

Als Ergebnis der *in silico* Analyse wurden im Inter-Gen-Bereich des *tmrB-aroK* Genoms *B. subtilis* 4 Promotorbereiche und 2 Terminatorbereiche mit unterschiedlicher Nachweiswahrscheinlichkeit gefunden. Es wurde eine Analyse des geklonten Genomabschnitts des *Bacillus subtilis*-Stamms in der Genetik 15 C10 mit Hilfe von molekularen und genetischen und bioinformativen Ansätzen durchgeführt. Die Analyse zeigte das Vorhandensein von 4 promotorischen und 2 Terminator-Regulatorelementen mit unterschiedlicher Nachweiswahrscheinlichkeit. Beim Vergleich der Ergebnisse für die beiden analysierten Sequenzen wurde eine Ähnlichkeit der Anordnung der auf der untersuchten Genomstrecke vorhergesagten regulatorischen Elemente festgestellt.

Der Autor der Diplomarbeit hat eine analytische Überprüfung der Literatur zu diesem Thema durchgeführt und Daten gesammelt. Die molekulare und genetische, computergestützte statistische Analyse der Nukleotidsequenz, die Interpretation der erhaltenen Ergebnisse, ihre Darstellung sowie die Formulierung der Schlussfolgerungen wurden unabhängig durchgeführt.