

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

СЕРАФИМОВИЧ Алина Сергеевна

ХАРАКТЕРИСТИКА ТРАНСКРИПЦИОННЫХ ФАКТОРОВ ТЕТР
СЕМЕЙСТВА

Аннотация к магистерской диссертации

специальность 7-06-0511-05 Биоинформатика

Научный руководитель:
Николайчик Евгений Артурович
кандидат биологических наук,
доцент

Минск, 2024

ОБЩАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА РАБОТЫ

Ключевые слова: транскрипционные факторы, базы данных, сайты связывания транскрипционных факторов, КО-тэг, регуляция транскрипции, регуляторные мотивы, последовательности ДНК, программа SigmaID.

Цель работы: создание коллекции операторных мотивов бактериальных транскрипционных факторов семейств TetR для импорта в базу данных BacRegDB.

Задачи работы: 1) Идентификация факторов транскрипции TetR семейства в бактериальных геномах; 2) Поиск операторных мотивов найденных транскрипционных факторов с использованием программы SigmaID и пакета MEME; 3) Проведение кластерного анализа для подтверждения достоверности найденных мотивов; 4) Создание калиброванных профилей выбранных регуляторов; 5) Импорт созданных профилей в базу данных BacRegDB.

Объекты исследования: геномы *Streptomyces avermitilis* MA-4680 (NCBI: BA000030), *Thermus thermophilus* HB8 chromosome 1 (NCBI: NC_006461), *Thermus thermophilus* HB8 plasmid pTT27 (NCBI: NC_006462), *Bacillus cereus* ATCC 14579 (NCBI: CP034551), *Corynebacterium glutamicum* SCgG2 (NCBI: CP004048), *Priestia megaterium (Bacillus megaterium)* ATCC 14581 (NCBI: CP069288), *Pseudomonas putida* DOT-T1E (NCBI: CP110782), *Streptomyces coelicolor* A3(2) CFB_NBC_0001 (NCBI: CP042324), *Mycolicibacterium smegmatis* FDAARGOS_679 (NCBI: CP054795).

Предмет исследования: транскрипционные факторы TetR семейства.

Полученные результаты и их новизна: созданы и экспортированы в базу данных BacRegDB 18 операторных мотивов сайтов связывания транскрипционных факторов TetR семейства.

Структура магистерской диссертации: работа изложена на 64 страницах, состоит из разделов «Введение», «Аннотация», трех глав, разделов «Заключение» и «Список использованных источников» из 119 наименований. Включает 14 рисунков и 6 таблиц.

GENERAL CHARACTERISTICS OF THE WORK

Keywords: transcription factors, databases, transcription factor binding sites, CR-tag, transcription regulation, regulatory motifs, DNA sequences, Sigmoid program.

The aim of the work: creation of a collection of operator motifs of bacterial transcription factors of the TetR family for import into the BacRegDB database.

Tasks of the work: 1) Identification of TetR family transcription factors in bacterial genomes; 2) Search for operator motifs of the found transcription factors using the Sigmoid program and the MEME package; 3) Cluster analysis to confirm the reliability of the found motifs; 4) Creation of calibrated profiles of selected regulators; 5) Import of the created profiles into the BacRegDB database.

Objects of research: genomes of *Streptomyces avermitilis* MA-4680 (NCBI: BA000030), *Thermus thermophilus* HB8 chromosome 1 (NCBI: NC_006461), *Thermus thermophilus* HB8 plasmid pTT27 (NCBI: NC_006462), *Bacillus cereus* ATCC 14579 (NCBI: CP034551), *Corynebacterium glutamicum* SCgG2 (NCBI: CP004048), *Priestia megaterium* (*Bacillus megaterium*) ATCC 14581 (NCBI: CP069288), *Pseudomonas putida* DOT-T1E (NCBI: CP110782) *Streptomyces coelicolor* A3(2) CFB_NBC_0001 (NCBI: CP042324), *Mycobacterium smegmatis* FDAARGOS_679 (NCBI: CP054795).

Subject of research: transcription factors of the TetR family.

The results obtained and their novelty: 18 operator motifs of the TetR family transcription factor binding sites were created and exported to the BacRegDB database.

The structure of the master's thesis: the work is presented on 64 pages, consists of sections "Introduction", "Annotation", three chapters, sections "Conclusion" and "List of used sources" of 119 titles. It includes 14 figures and 6 tables.

АГУЛЬНАЯ ХАРАКТАРЫСТЫКА ПРАЦЫ

Ключавыя словы: транскрыпцыйныя фактары, базы дадзеных, сайты звязвання транскрыпцыйных фактараў, КО-тэг, рэгуляцыя транскрыпцыі, рэгуляторныя матывы, паслядоўнасці ДНК, праграма SigmaID.

Мэта працы: стварэнне калекцыі аператарных матываў бактэрыяльных транскрыпцыйных фактараў сямейства TetR для імпарту ў базу дадзеных BacRegDB.

Задачы працы: 1) ідэнтыфікацыя фактараў транскрыпцыі TetR сямейства ў бактэрыяльных геномах; 2) Пошук аператарных матываў знойдзеных транскрыпцыйных фактараў з выкарыстаннем праграмы SigmaID і пакета MEME; 3) правядзенне кластэрнага аналізу для пацверджання дакладнасці знойдзеных матываў; 4) Стварэнне калібраваных профіляў выбраных рэгулятараў; 5) Імпарт створаных профіляў ў базу дадзеных BacRegDB.

Аб'екты даследавання: геномы *Streptomyces avermitilis* MA-4680 (NCBI: BA000030), *Thermus thermophilus* HB8 chromosome 1 (NCBI: NC_006461), *Thermus thermophilus* HB8 plasmid pTT27 (NCBI: NC_006462), *Bacillus cereus* ATCC 14579 (NCBI: CP034551), *Corynebacterium glutamicum* SCgG2 (NCBI: CP004048), *Priestia megaterium* (*Bacillus megaterium*) ATCC 14581 (NCBI: CP069288), *Pseudomonas putida* DOT-T1E (NCBI: CP110782) *Streptomyces coelicolor* A3(2) CFB_NBC_0001 (NCBI: CP042324), *Mycolicibacterium smegmatis* FDAARGOS_679 (NCBI: CP054795).

Прадмет даследавання: транскрыпцыйныя фактары TetR сямейства.

Атрыманыя вынікі і іх навізна: створаны і экспартаваны ў базу дадзеных BacRegDB 18 аператарных матываў сайтаў звязвання транскрыпцыйных фактараў TetR сямейства.

Структура магістарскай дысертацыі: праца выкладзена на 64 старонках, складаецца з раздзелаў «Уводзіны», «Анатацыя», трох кіраўнікоў, раздзелаў «Заклучэнне» і «Спіс выкарыстаных крыніц» з 119 найменняў. Уключае 14 малюнкаў і 6 табліц.

