

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

Аннотация к дипломной работе

КУЗНЕЧИК Мария Олеговна

ХАРАКТЕРИСТИКА ГЕНА *MFBR DISKEYA DADANTI*

Дипломная работа

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

Минск, 2025

РЕФЕРАТ

Дипломная работа 41 с., 17 рис., 37 источников.

Ключевые слова: *Dickeya dadantii*, *Erwinia chrysanthemi*, MfbR, транскрипционная регуляция.

Объект исследования: ген *mfbR* *Dickeya dadantii*.

Цель исследования: определить функции продукта гена *mfbR* фитопатогенных бактерий *Dickeya dadantii*.

Материалы и методы: штаммы *Dickeya dadantii* 49, ENA 49/50, ENA 49/50 R'; выделение хромосомной ДНК с использованием СТАВ; праймеры *mfbR3f* и *mfbR3r* для классической ПЦР; трансформация *E. coli* DH5 α с использованием хлорида кальция; выделение плазмидной ДНК методом щелочного лизиса; рестрикция ДНК; лигирование; поиск сайтов связывания с помощью программы SigmaID; моделирование структуры взаимодействия MfbR и ДНК с помощью AlphaFold 3 и DeepPBS.

В ходе данной дипломной работе с использованием различных алгоритмов выполнен поиск потенциальных сайтов связывания транскрипционного фактора MfbR в геноме бактерий *Dickeya dadantii*. В качестве потенциальных мишеней разные алгоритмы указали ген посттранскрипционного регулятора вторичного метаболизма CsrA и оперон импорта и утилизации арил-b-D-глюкозидов. В качестве первого шага экспериментальной верификации регулона, контролируемого MfbR, выполнены амплификация и молекулярное клонирование гена *mfbR*.

РЭФЕРАТ

Дыпломная работа 41 с., 17 мал., 37 крыніц.

Ключавыя словы: *Dickeya dadantii*, *Erwinia chrysanthemi*, MfbR, транскрыпцыйная рэгуляцыя.

Аб'ект даследавання: ген *mfbR* *Dickeya dadantii*.

Мэта даследавання: вызначыць функцыі прадукту гена *mfbR* фітапатагенных бактэрый *Dickeya dadantii*.

Матэрыялы і метады: штамы *Dickeya dadantii* 49, ENA 49/50, ENA 49/50 R'; вылучэнне храмасомнай ДНК з выкарыстаннем СТАВ; праймеры *mfbR3f* і *mfbR3r* для класічнай ПЛР; трансфармацыя *E. coli* DH5 α з выкарыстаннем хларыду кальцыя; вылучэнне плазміднай ДНК метадам шчолачнага лізісу; рэстрыкцыя ДНК; лігіраванне; пошук сайтаў звязвання з дапамогай праграмы Sigmoid; мадэляванне структуры узаемадзеяння MfbR і ДНК з дапамогай AlphaFold 3 і DeepPBS.

У ходзе дадзенай дыпломнай працы з выкарыстаннем розных алгарытмаў выкананы пошук патэнцыйных сайтаў звязвання транскрыпцыйных фактару MfbR ў геноме бактэрый *Dickeya dadantii*. У якасці патэнцыйных мішэняў розныя алгарытмы паказалі ген посттранскрыпцыйнага рэгулятара другаснага метабалізму CsrA і аперон імпарту і ўтылізацыі арыл-b-D-глюказідаў. У якасці першага кроку эксперыментальнай верыфікацыі рэгулона, які кантралюе MfbR, выкананы ампліфікацыя і малекулярнае кланаванне гена *mfbR*.

ABSTRACT

Diploma project 41 p., 17 fig., 37 sources.

Keywords: *Dickeya dadantii*, *Erwinia chrysanthemi*, MfbR, transcriptional regulation.

Object of the research: gene *mfbR* of *Dickeya dadantii*..

The aim of the research: to determine functions of the *mfbR* product of phytopathogenic bacteria *Dickeya dadantii*.

Materials and methods: strains *Dickeya dadantii* 49, ENA 49/50, ENA 49/50 R'; extraction of chromosomal DNA using CTAB; primers mfbR3f and mfbR3r for classical PCR; transformation of *E. coli* DH5 α using calcium chloride; extraction of plasmid DNA by alkaline lysis; DNA restriction; ligation; search for binding sites using Sigmoid program; modeling of MfbR and DNA interaction structure using AlphaFold 3 and DeepPBS.

In this thesis work, a search for potential binding sites of the transcription factor MfbR in the genome of bacteria *Dickeya dadantii* was performed using different algorithms. The different algorithms identified the gene of the posttranscriptional regulator of secondary metabolism CsrA and the operon of import and utilisation of aryl-b-D-glucosides as potential targets. Amplification and molecular cloning of the *mfbR* gene were performed as a first step in the experimental verification of the MfbR-controlled regulon.