

Министерство науки и высшего образования Российской Федерации
Федеральное государственное автономное образовательное учреждение
высшего образования
«КАЗАНСКИЙ (ПРИВОЛЖСКИЙ) ФЕДЕРАЛЬНЫЙ УНИВЕРСИТЕТ»

ИНСТИТУТ ФУНДАМЕНТАЛЬНОЙ МЕДИЦИНЫ И БИОЛОГИИ
КАФЕДРА ГЕНЕТИКИ

Направление: 06.03.01 Биология

Профиль « Зоология и общая биология»

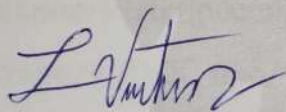
ВЫПУСКАЯ КВАЛИФИЦИОННАЯ РАБОТА

**ТРАНСКРИПТОМНЫЙ АНАЛИЗ МУТАНТА *PESTOVACTERIUM*
ATROSEPTICUM SCR11043 ДЕФЕКТНОГО ПО СИНТЕЗУ
НЕКОДИРУЮЩЕЙ РНК EXPS, ВХОДЯЩЕЙ В РЕГУЛОН ГЕНОВ КВОРУМ
СЕНСИНГА**

Студентка IV курса

Группа 01-604

«06» 05 2020 г.




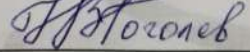
(Паредес Кардона И. В.)

Работа допущена к защите:

Научные руководители

(с.н.с., к.б.н.) (в.н.с., д.б.н)

«06» 05 2020 г.  (-Н. -Е. Гоголева)

«06» 05 2020 г.  (-Ю. -В. Гоголев)

И.о. Заведующего кафедрой

к.б.н., доцент

«06» 05 2020 г.  (А.Р. Каюмов)

Казань – 2020

СОДЕРЖАНИЕ

Введение

1 Обзор Литературы

1.1 Общие представления о некодирующей РНК.....	7
1.2 Некордирующая РНК у эукариотов.....	9
1.3 Короткие некодирующих РНК.....	10
1.4 siRNAs и miRNAs.....	10
1.5 Длинные некодирующие РНК (lncRNAs).....	11
1.6 Бактериальная некодирующая РНК.....	11
1.7 Характеристика фитопатогенной бактерии <i>Petobacterium Atrosepticum</i>	15
1.8 Чувство кворума	16
1.9 Транскриптомный анализ.....	23
1.10 Выделение РНК.....	27

2. материалы и методы

2.1 Штаммы и векторы для молекулярного клонирования.....	32
2.2 Оценка роста бактериальной культуры.....	32
2.3 Электрофоретическое разделение нуклеиновых кислот в агарозном геле..	33
2.4 Амплификация фрагментов ДНК с помощью полимеразной цепной реакции.....	33
2.5 Проверка вирулентных свойств штаммов.....	33
2.6 Статистическая обработка данных РНК.....	34
2.7 Выделение.....	36

3. Результаты и их обсуждения

3.1 Разработка модели для проверки вирулентных свойств.....	38
3.2 Оценка вирулентных свойств мутанта по некодирующей РНК Δ ExpSN <i>Pectobacterium atrosepticum</i> SCRI1043.....	39
3.3 Статистическая обработка данных.....	40

3.4 Сравнительный анализ транскриптомов клеток $\Delta\text{ExpSN Pba}$ с клетками Pba дикого типа.....	42
4. Выводы	46
Благодарность	47
5. Список Литературы	48

В работе описаны методы работы с микробными культурами, методами анализа транскриптомов, методами анализа данных, полученных с помощью микрочипов. Также описаны методы работы с данными, полученными с помощью микрочипов. В работе описаны методы работы с микробными культурами, методами анализа транскриптомов, методами анализа данных, полученных с помощью микрочипов. Также описаны методы работы с данными, полученными с помощью микрочипов.

1. Наименование культуры: *Escherichia coli* (штамм SCRI1043) дикого типа и мутанта ΔExpSN в различных условиях, условия культивирования, условия анализа транскриптомов, условия анализа данных, полученных с помощью микрочипов.
2. Наименование транскриптомной системы: *Escherichia coli* (штамм SCRI1043) дикого типа и мутанта ΔExpSN в различных условиях, условия культивирования, условия анализа транскриптомов, условия анализа данных, полученных с помощью микрочипов.

ВВЕДЕНИЕ

Данная дипломная работа является продолжением предыдущих экспериментов и исследований системы чувства кворума или кворум сенсинга фитопатогенной бактерии *Pectobacterium atrosepticum* SCRI1043 (*Pba*) и ее функций, поскольку данная система играет ключевую роль в регуляции продукции ферментов, разрушающих ткани растения. Ранее в нашей лаборатории были получены данные о существовании регуляторного элемента, который является некодирующей РНК, транскрибируемой дивергентно с геном АГЛ-сенсора — *expR*. Было выявлено, что между этими генами происходит конкуренция за промотор. Активность транскрипции некодирующей РНК, которую мы назвали ExpSN, находилась в противофазе по отношению к гену *expI*. Для выяснения роли некодирующей РНК ExpSN в регулировании системы кворума *Pba* был проведен мутагенез с удалением гена данной РНК из генома, в результате чего был получен мутант Δ ExpSN *P. atrosepticum* SCRI1043. Далее была разработана система для проверки вирулентных свойств мутанта по некодирующей РНК ExpSN фитопатогенной бактерии *P. atrosepticum* SCRI1043. Результаты экспериментов с данной системой позволили нам сделать вывод о том, что мутант оказался более агрессивным для растений и следовательно, что некодирующая РНК ExpSN нужна для контроля экспрессии генов вирулентности. Выяснения роли данной РНК в регуляторных процессах у *Pectobacterium atrosepticum* SCRI1043 стало целью данной работы. Для достижения указанной цели были поставлены следующие задачи:

1. Провести культивирование клеток *Pectobacterium atrosepticum* SCRI1043 дикого типа и мутанта Δ ExpSN в различных условиях, выполнить инфицирование растения-хозяина, провести отбор образцов бактериальных клеток.
2. Выполнить транскриптомный анализ бактериальных клеток, выращиваемых на искусственных питательных средах и в инфицированном растении.

3. Провести биоинформатическую обработку транскриптомных данных.

Самый популярный метод анализа транскриптомных данных — это анализ данных, полученных с помощью микрочипов (microarrays) или секвенирования транскриптов (RNA-seq). В частности, микрочипы позволяют измерять уровень экспрессии тысяч генов одновременно. RNA-seq же позволяет измерять уровень экспрессии отдельных генов с высокой точностью. Между тем, анализ транскриптомных данных требует специальных методов, которые позволяют анализировать и интерпретировать полученные данные. Одним из таких методов является анализ дифференциальной экспрессии (DE), который позволяет выявить гены, уровень экспрессии которых изменился в результате воздействия фактора.

Следует отметить, что анализ транскриптомных данных требует использования специальных программных пакетов, таких как DESeq2, edgeR и limma. Эти пакеты позволяют проводить анализ дифференциальной экспрессии с учетом различных факторов, таких как биологические повторения, технические повторения и т.д. Кроме того, анализ транскриптомных данных требует использования специальных методов визуализации, таких как heatmaps, volcano plots и t-SNE plots.

Итак, анализ транскриптомных данных — это сложный процесс, который требует использования специальных методов и программных пакетов. Однако, с помощью современных биоинформатических методов и программных пакетов, анализ транскриптомных данных становится все более доступным и эффективным. Это позволяет ученым выявлять новые гены, изучать механизмы заболеваний и разрабатывать новые методы лечения.

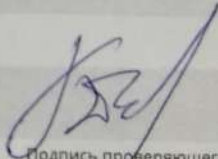
В заключение, анализ транскриптомных данных — это важный инструмент в современной биологии. Он позволяет ученым изучать экспрессию генов в различных условиях и выявлять гены, которые играют ключевую роль в различных биологических процессах.



СПРАВКА

о результатах проверки текстового документа на наличие заимствований

Проверка выполнена в системе
Антиплагиат.Структура

Автор работы	Паредес Виктория
Подразделение	Генетика
Тип работы	Дипломная работа
Название работы	ТРАНСКРИПТОМНЫЙ АНАЛИЗ МУТАНТА PESTOBACTERIUM ATROSEPTICUM SCR11043 ДЕФЕКТНОГО ПО СИНТЕЗУ НЕКОДИРУЮЩЕЙ РНК EXPS, ВХОДЯЩЕЙ В РЕГУЛОН ГЕНОВ КВОРУМ СЕНСИНГА
Название файла	антиплагиат, Виктория Паредес 01-604.docx
Процент заимствования	19.05 %
Процент самоцитирования	0.00 %
Процент цитирования	0.61 %
Процент оригинальности	80.34 %
Дата проверки	21:08:37 21 мая 2020г.
Модули поиска	Модуль поиска ИПС "Адилет"; Модуль выделения библиографических записей; Сводная коллекция ЭБС; Коллекция РГБ; Цитирование; Модуль поиска переводных заимствований; Модуль поиска переводных заимствований по elibrary (EnRu); Модуль поиска переводных заимствований по интернет (EnRu); Модуль поиска переводных заимствований по Wiley (RuEn); Коллекция eLIBRARY.RU; Коллекция ГАРАНТ; Модуль поиска Интернет; Модуль поиска "КПФУ"; Коллекция Медицина; Модуль поиска перефразирований eLIBRARY.RU; Модуль поиска перефразирований Интернет; Коллекция Патенты; Модуль поиска общеупотребительных выражений; Кольцо вузов; Коллекция Wiley
Работу проверил	Бабынин Эдуард Викторович ФИО проверяющего
Дата подписи	21.05.20  Подпись проверяющего

Чтобы убедиться в подлинности справки, используйте QR-код, который содержит ссылку на отчет.



Ответ на вопрос, является ли обнаруженное заимствование корректным, система оставляет на усмотрение проверяющего. Предоставленная информация не подлежит использованию в коммерческих целях.