

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

ИНСТИТУТ ФУНДАМЕНТАЛЬНОЙ МЕДИЦИНЫ И БИОЛОГИИ

КАФЕДРА ГЕНЕТИКИ

Специальность: 06-04-01 – генетика


ВЫПУСКНАЯ КВАЛИФИКАЦИОННАЯ РАБОТА

Дипломная работа

**РАЗРАБОТКА АЛГОРИТМА ОЦЕНКИ  
ЭРАДИКАЦИОННОЙ ТЕРАПИИ N.PYLORI НА  
ИЗМЕНЕНИЕ ГЕНЕТИЧЕСКИХ СВОЙСТВ МИКРОБИОТЫ  
КИШЕЧНИКА**

Работа завершена:

"20" мая 2017 г.



(В.Л. Лопухов)

Работа допущена к защите:

Научный руководитель  
Кандидат биологических наук


"27" мая 2017 г.



(Т.В. Григорьева)

Профессор

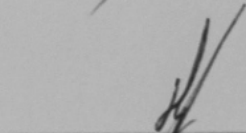
"30" мая 2017 г.



(В.М. Чернов)

Заведующий кафедрой  
Профессор

"30" мая 2017 г.



(В.М. Чернов)

Казань-2017

## СОДЕРЖАНИЕ

	стр.
<b>СПИСОК СОКРАЩЕНИЙ</b>	3
<b>ВВЕДЕНИЕ</b>	4
<b>1 ОБЗОР ЛИТЕРАТУРЫ</b>	5
1.1 Микробиота человека	7
1.2 <i>Helicobacter pylori</i>	12
1.3 Эрадикация и антибиотикорезистентность <i>H. Pylori</i>	13
<b>ЭКСПЕРИМЕНТАЛЬНАЯ ЧАСТЬ</b>	20
<b>2 МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ</b>	20
2.1 Объекты исследования	20
2.2 Сбор и обработка биоматериала	22
2.3 Секвенирование	22
2.4 Метагеномный анализ	26
2.5 Разработка алгоритма	26
<b>3 РЕЗУЛЬТАТЫ</b>	31
3.1 Предварительная подготовка данных	31
3.2 Машинное обучение классификатора	32
3.3 Реализация обучения	32
3.4 Программное обеспечение	35
<b>ЗАКЛЮЧЕНИЕ</b>	50
<b>ВЫВОДЫ</b>	50
<b>СПИСОК ИСПОЛЬЗОВАННЫХ ИСТОЧНИКОВ</b>	34

## ВВЕДЕНИЕ

**Актуальность** данной работы состоит в востребованности разработки метода диагностики заболеваний кишечника, связанных с нарушением в составе микробиоты, а также необходимость оценки последствий антибиотикотерапии для лечения этих заболеваний.

**Целью** данной работы является разработка алгоритма оценки изменения микробиоты кишечника человека при эрадикации *H. pylori*.

Для достижения поставленной цели были сформулированы следующие **задачи**:

- Провести профилирование экспериментальных образцов микробиоты кишечника;
- Выявить статистически значимые генетические маркеры изменений микробиоты на фоне приема антибиотиков;
- Выявить оптимальное количество маркеров для оценки изменений микробиоты по когортам сравнения;
- Испытать разработанный алгоритм машинного обучения для характеристики общих и функциональных изменений микробиоты.