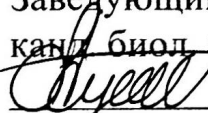


МИНИСТЕРСТВО НАУКИ И ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ
Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение
высшего образования
«КУБАНСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ»
(ФГБОУ ВО «КубГУ»)

Факультет биологический
Кафедра генетики, микробиологии и биохимии

Допустить к защите
Заведующий кафедрой
канд. биол. наук, доцент
 А. А. Худокормов
«01» июня 2020 г.

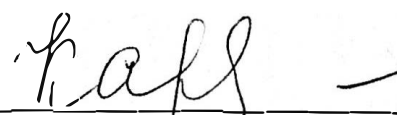
ВЫПУСКНАЯ КВАЛИФИКАЦИОННАЯ РАБОТЫ
(БАКАЛАВРСКАЯ РАБОТА)


РАЗВИТИЕ МЕТОДОВ БАРКОДИРОВАНИЯ И ФИЛОГЕНОМИКИ
ДЛЯ СИСТЕМАТИКИ ПРОКАРИОТНЫХ И ЭУКАРИОТНЫХ
МИКРООРГАНИЗМОВ

Работу выполнила  З.Д. Георгиева
(подпись)

Направление подготовки 06.03.01 Биология
(код, наименование)

Направленность (профиль) Микробиология

Научный руководитель,
канд. биол. наук, профессор  Э.В. Карасева

Нормоконтролер,
канд. биол. наук, доцент  01.06.20 А.А. Самков
(подпись, дата)

Краснодар
2020

РЕФЕРАТ

Данная работа выполнена на 49 страницах машинописного текста. В работу включено 8 таблиц и двенадцать рисунков. Список использованной литературы включает 40 источников.

СРЕДНЯЯ НУКЛЕОТИДНАЯ ИДЕНТИЧНОСТЬ, ОТНОСИТЕЛЬНАЯ МЕЖГЕНОМНАЯ ДИСТАНЦИЯ, СИСТЕМАТИКА, ГЕНОМ, ГЕНОМИКА, БАРКОДИРОВАНИЕ, СЕКВЕНИРОВАНИЕ.

Целью данной работы является исследование метода филогеномики и его зависимости от качества сборки генома и возможность использования данного метода в таксономии, а также для ревизии в систематике прокариот.

На примере пяти штаммов *Methyloligella halotolerans* VKM В-2706Т(С2Т), *Methylophaga muralis* VKM В-3046Т(Bur 1Т), *Rathayibacter* sp. VKM Ас-2630, *Rathayibacter oskolensis* VKM Ас-2121Т, *Agreia pratensis* VKM Ас-2121Т, было обнаружено что межгеномная дистанция не зависит от качества сборки генома, основных ее параметров.

Было обнаружено, основываясь на среднюю нуклеотидную идентичность, на примере полифилетической группы *Pseudomonas putida*, что многие штаммы данной группы, занесенные в базу данных под разным названием, на самом деле относятся к штаммам одного вида и наоборот, что свидетельствует о желательной ревизии полифилитических групп.

Был проведен первый этап метода баркодирования на примере дрожжевых грибов рода *Debaryomyces*, актуальность которого возрастает в связи с потребностью быстрой идентификации и систематики микроорганизмов.

СОДЕРЖАНИЕ

Перечень сокращений и обозначений.....	4
Введение.....	5
1 Аналитический обзор.....	8
1.1 Современные концепции систематики эукариотических и прокариотических микроорганизмов.....	8
1.2 Предлагаемые минимальные стандарты для использования данных геномных последовательностей в таксономии	9
1.3 Методы филогеномики в систематике микроорганизмов	11
1.4 Роль средней нуклеотидной идентичности и ее связь с относительной межгеномной дистанцией. Способы вычисления средней нуклеотидной идентичности	14
1.5 Методы секвенирования третьего поколения и их возможности для секвенирования полных геномов	16
1.6 Баркодирование как быстрый метод идентификации дрожжей	18
2 Материал и методы исследования.....	20
2.1 Материал исследования.....	20
2.2 Получение сборок	22
2.3 Сравнение исследуемых сборок генома.....	24
2.4 Вычисление межгеномной дистанции	24
2.5 Применение индексного филогеномного подхода для анализа потенциально гетерогенной филогенетической группы, подлежащей таксономической ревизии	25
2.6 Выделение ДНК дрожжей рода <i>Debaryomyces</i>	25
2.7 Создание праймеров для баркодирования	26
2.8 ПЦР	26
3 Развитие методов баркодирования и филогеномики для систематики прокариотных и эукариотных микроорганизмов	28
3.1 Зависимость относительной межгеномной дистанции от качества	

сборки генома	28
3.2 Выявление таксономического разнообразия группы <i>Pseudomonas putida</i> на основе межгеномных дистанций	35
3.3 Праймеры с уникальными баркодами для дрожжей рода <i>Debaryomyces</i>	37
Заключение	40
Список использованных источников	41
Приложение А Параметры сборок генома различного качества, покрытие сборок и межгеномная дистанция штаммов	47
Приложение Б Филогеномное древо полифилетической группы <i>Pseudomonas putida</i>	49

ОГЫЫВ

на выпускную квалификационную работу студентки 4 курса биологического факультета направления 06.03.01 Георгиевой Златы Дмитриевны «Развитие методов баркодирования и филогеномики для систематики прокариотических и эукариотических микроорганизмов»

Систематика микроорганизмов, переживающая в буквальном смысле слова в последние годы революцию, претерпела значительные изменения. В связи с введением новой филогенетической систематики прокариот во всем мире проводится ревизия микробных коллекций. Создание надежных систем классификации и идентификации как прокариот, так и эукариот актуально для конструирования филогенетических деревьев, оценки биоразнообразия и хода эволюции. Обеспечение этого возможно только с использованием геномных технологий. Созданные мировые базы геномов микроорганизмов позволяют использовать методы биоинформатики для совершенствования систематики.

Используемый Златой Дмитриевной метод баркодирования (ДНК-штрихкодирования) позволил автору не только уточнить достоверность идентификации видов, но и установить место вида в существующей классификации. Построены дендрограммы, выявляющие генетическое родство анализируемых штаммов микроорганизмов. С использованием метода межгеномной дистанции автору удалось установить, что широко известный микробиологам и часто используемый в биотехнологии вид *Pseudomonas putida*, представляет собой несколько различных видов. Применение стандартных микробиологических методов потребовало бы для этого длительного времени и значительных материальных затрат. Автор не ограничилась анализом метода на прокариотах, а продолжила работу на аскомицетных дрожжах. На примере дрожжей рода *Debaryomyces*, полный геном которых содержится в базе данных ВКМ, были созданы уникальные праймеры с баркодами. Удалось показать, как можно использовать метод баркодирования актуальность которого возрастает в связи с потребностью быстрой идентификации и систематики микроорганизмов

Выпускная квалификационная работа З.Д. Георгиевой представляет научный и практический интерес, оформлена в соответствии с предъявляемыми требованиями, заслуживает высокой оценки и может быть рекомендована к публикации.

Научный руководитель, профессор кафедры генетики, микробиологии и биохимии



Э.В.Карасева

Отчет о проверке на заимствования №1



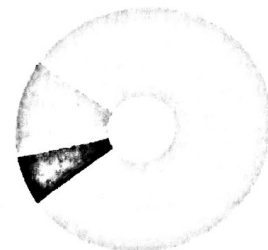
Автор: user 0 7 genetic@bio.kubsu.ru / ID: 179
 Проверяющий: user 0 7 (genetic@bio.kubsu.ru / ID: 179)
 Организация: Кубанский Государственный университет
 Отчет предоставлен сервисом «Антиплагиат»- <http://kubsu.antiplagiat.ru>

ИНФОРМАЦИЯ О ДОКУМЕНТЕ

№ документа: 886
 Начало загрузки: 19.06.2020 08:39:56
 Длительность загрузки: 00:00:13
 Имя исходного файла: Диплом Злата 3.docx
 Название документа: Георгиева З.Д.
 Развитие методов баркодирования и филогеномики для систематики прокариотических и эукариотических микроорганизмов
 Размер текста: 1 кБ
 Тип документа: Выпускная квалификационная работа
 Символов в тексте: 59320
 Слов в тексте: 6637
 Число предложений: 528

ИНФОРМАЦИЯ ОБ ОТЧЕТЕ

Последний готовый отчет (ред.)
 Начало проверки: 19.06.2020 08:40:10
 Длительность проверки: 00:02:02
 Комментарии: не указано
 Модули поиска: Коллекция eLIBRARY.RU, Модуль поиска общеупотребительных выражений, Модуль поиска Интернет, Модуль поиска перефразирований Интернет, Коллекция РГБ, Модуль поиска переводных заимствований, Сводная коллекция ЭБС, Модуль выделения библиографических записей, Модуль поиска ИПС "Адилет", Модуль поиска переводных заимствований по elibrary (EnRu), Модуль поиска переводных заимствований по интернет (EnRu), Коллекция ГРАНТ, Модуль поиска "КубГУ", Коллекция Медицина, Модуль поиска перефразирований eLIBRARY.RU, Коллекция Патенты, Кольцо вузов



ЗАИМСТВОВАНИЯ	САМОЦИТИРОВАНИЯ	ЦИТИРОВАНИЯ	ОРИГИНАЛЬНОСТЬ
6,7%	0%	13,25%	80,05%

Заимствования — доля всех найденных текстовых пересечений, за исключением тех, которые система отнесла к цитированиям, по отношению к общему объему документа.
 Самоцитирования — доля фрагментов текста проверяемого документа, совпадающий или почти совпадающий с фрагментом текста источника, автором или соавтором которого является автор проверяемого документа, по отношению к общему объему документа.
 Цитирования — доля текстовых пересечений, которые не являются авторскими, но система посчитала их использование корректным, по отношению к общему объему документа. Сюда относятся оформленные по ГОСТу цитаты; общеупотребительные выражения; фрагменты текста, найденные в источниках из коллекций нормативно-правовой документации.
 Текстовое пересечение — фрагмент текста проверяемого документа, совпадающий или почти совпадающий с фрагментом текста источника.
 Источник — документ, проиндексированный в системе и содержащийся в модуле поиска, по которому проводится проверка.
 Оригинальность — доля фрагментов текста проверяемого документа, не обнаруженных ни в одном источнике, по которым шла проверка, по отношению к общему объему документа.
 Заимствования, самоцитирования, цитирования и оригинальность являются отдельными показателями и в сумме дают 100%, что соответствует всему тексту проверяемого документа.
 Обращаем Ваше внимание, что система находит текстовые пересечения проверяемого документа с проиндексированными в системе текстовыми источниками. При этом система является вспомогательным инструментом, определение корректности и правомерности заимствований или цитирований, а также авторства текстовых фрагментов проверяемого документа остается в компетенции проверяющего.

№	Доля в отчете	Доля в тексте	Источник	Ссылка	Актуален на	Модуль поиска	Блоков в отчете	Блоков в тексте
[01]	12,65%	12,65%	не указано	не указано	раньше 2011	Модуль выделения библиографических записей	1	1
[02]	3,77%	4,26%	http://ibpm.ru/attachments/a...	http://ibpm.ru	21 Янв 2020	Модуль поиска Интернет	21	25
[03]	1,09%	1,89%	Стародумова, Ирина Павлов...	http://dlib.rsl.ru	22 Фев 2019	Коллекция РГБ	7	14
[04]	0%	1,89%	Скачать	http://fbras.ru	24 Мая 2018	Модуль поиска Интернет	0	14
[05]	0%	1,89%	Развитие системы классифи...	http://fbras.ru	07 Окт 2019	Модуль поиска Интернет	0	14
[06]	0,26%	1,16%	http://www.ibpm.ru/attachm...	http://ibpm.ru	02 Мая 2020	Модуль поиска Интернет	1	6
[07]	0%	1,01%	Диплом Pseudomonas aerugi...	не указано	07 Июн 2018	Кольцо вузов	0	7
[08]	0,42%	0,82%	Структура и оформление ма...	https://kubsu.ru	20 Мая 2020	Модуль поиска Интернет	5	4
[09]	0%	0,76%	Frontiers Phylogenomic Ana...	https://frontiersin.org	23 Апр 2020	Модуль поиска Интернет	0	6
[10]	0%	0,76%	Frontiers Phylogenomic Ana...	https://frontiersin.org	23 Апр 2020	Модуль поиска Интернет	0	6
[11]	0%	0,67%	http://eprints.gla.ac.uk/17999...	http://eprints.gla.ac.uk	28 Мая 2020	Модуль поиска Интернет	0	6
[12]	0%	0,61%	FULLTEXT01\$(function(){Prim...	http://diva-portal.org	01 Янв 2020	Модуль поиска Интернет	0	5
[13]	0,6%	0,6%	не указано	не указано	раньше 2011	Модуль поиска общеупотребительных	8	8