

**Министерство науки и высшего образования Российской Федерации
ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ АВТОНОМНОЕ ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ
УЧРЕЖДЕНИЕ ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ
НАЦИОНАЛЬНЫЙ ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИЙ УНИВЕРСИТЕТ ИТМО
ITMO University**

**АННОТАЦИЯ
ВЫПУСКНОЙ КВАЛИФИКАЦИОННОЙ РАБОТЫ
SUMMARY OF A GRADUATION THESIS**

Обучающийся / Student Козырева Анфиса Ильинична
Факультет/институт/кластер/ Faculty/Institute/Cluster передовая инженерная школа
ИТМО интердисциплинарного инжиниринга
Группа/Group A4251
Направление подготовки/ Subject area 06.04.01 Биология
Образовательная программа / Educational program Прикладная геномика 2023
Язык реализации ОП / Language of the educational program Русский
Квалификация/ Degree level Магистр
Тема ВКР/ Thesis topic Сравнительный анализ геномных и протеомных данных для
оценки активности систем антифаговой защиты в различных штаммах O1/O139 серогрупп
Vibrio cholerae
Руководитель ВКР/ Thesis supervisor Мелешко Дмитрий Алексеевич, PhD, науки,
Университет ИТМО, передовая инженерная школа ИТМО интердисциплинарного
инжиниринга, доцент (квалификационная категория "ординарный доцент")
Консультант не из ИТМО / Third-party consultant Говорун Вадим Маркович, Research
Institute of Systems Biology and Medicine of Rospotrebnadzor, Director, Head of the Laboratory
of Simple Systems and Head of the Multi-mix Research Laboratory, доктор биологических
наук, профессор, академик РАН

**ХАРАКТЕРИСТИКА ВЫПУСКНОЙ КВАЛИФИКАЦИОННОЙ РАБОТЫ
DESCRIPTION OF THE GRADUATION THESIS**

Цель исследования / Research goal

Основной целью работы является выявление бактериальных белков Vibrio cholerae, экспрессируемых в стандартных условиях (отсутствие контакта с бактериофагами) и относящихся к компонентам противофаговых систем защиты (АФЗ).

Задачи, решаемые в ВКР / Research tasks

1. Характеристика геномной структуры изучаемых штаммов Vibrio cholerae серогруппы O1 El Tor токсигенной и нетоксигенной природы. 2. Типирование изучаемых штаммов по геномной последовательности основных факторов вирулентности: tcpA и ctxB генам. 3. Описание разнообразия компонентов противофаговых систем защит, обнаруженных in silico в изучаемых штаммах. 4. Описание разнообразия постоянно экспрессируемых компонентов систем АФЗ в условиях отсутствия контакта исследуемой бактериальной культуры с бактериофагом. 5. Предположение об альтернативных функциях, реализуемых наблюдаемыми компонентами АФЗ в бактериальной клетке, и скорости их вовлечения в противофаговый иммунный ответ.

Краткая характеристика полученных результатов / Short summary of results/findings

1. Штаммы *Vibrio cholerae* обладают высокой степенью вариабельности генома, ассоциированной с множественными включениями мобильных геномных элементов (МГЭ). 2. Геномы выборки кодируют 11 условных групп АФЗ различных по механизму действия, включая системы типов: Restriction-Modification (RM), CRISPR-cas, Toxin-antitoxin (TA), Retron, CBASS, Brex, Menshen, Lamassu-Family, AVAST, dXTPase. 3. Для всех изученных штаммов характерна экспрессия более половины компонентов всех предсказанных с использованием геномных данных систем АФЗ. 4. Согласно геномным данным, общей тенденцией для всех штаммов *V.cholerae* является наличие в геноме системы: рестрикции-модификации первого типа (RM-I), dXTPase, DMS_other, и экспрессия их компонентов на фоновом уровне в условиях отсутствия контакта с фаговым агентом. 5. Среди изученных представителей токсигенных штаммов встречаются случаи полной экспрессии крупной системы защиты типа brex, а также относительно менее распространённых систем типов Menshen, Lamassu-Family, retron даже в условии отсутствия бактериофагов в культуре. 6. Среди изученных представителей нетоксигенных штаммов из внешней среды предсказана система septu, однако наблюдается экспрессия только одного функционального компонента. 7. Только один из штаммов - нетоксигенный штамм M1526, содержащий плазмиду, содержит две АФЗ системы типа CRISPR-cas, из которых полностью подтверждается экспрессия всех компонентов системы cas-I-F1, расположенной на chr1, тогда как система cas_type_other, расположенная на плазмиде, экспрессируется частично. 8. Расчёт индекса адаптации кодонов CAI демонстрирует высокую степень сродства систем антифаговой защиты и остального генома исследуемых штаммов, однако ожидаемый по результатам расчёта CAI уровень экспрессии АФЗ-систем не соответствует реально наблюдаемому по анализу протеомных данных уровню экспрессии АФЗ.

Обучающийся/Student

Документ подписан	
Козырева Анфиса Ильинична	
21.05.2025	
(эл. подпись/ signature)	

Козырева
Анфиса
Ильинична

(Фамилия И.О./ name
and surname)

Руководитель ВКР/
Thesis supervisor

Документ подписан	
Мелешко Дмитрий Алексеевич	
21.05.2025	
(эл. подпись/ signature)	

Мелешко
Дмитрий
Алексеевич

(Фамилия И.О./ name
and surname)