

«Сейфуллин окулары – 16: Жаңа формациядағы жастар ғылыми – Қазақстанның болашағы» атты халықаралық ғылыми-теориялық конференциясының материалдары = Материалы Международной научно-теоретической конференции «Сейфуллинские чтения – 16: Молодежная наука новой формации – будущее Казахстана. - 2020. - Т.II. - С. 408-410

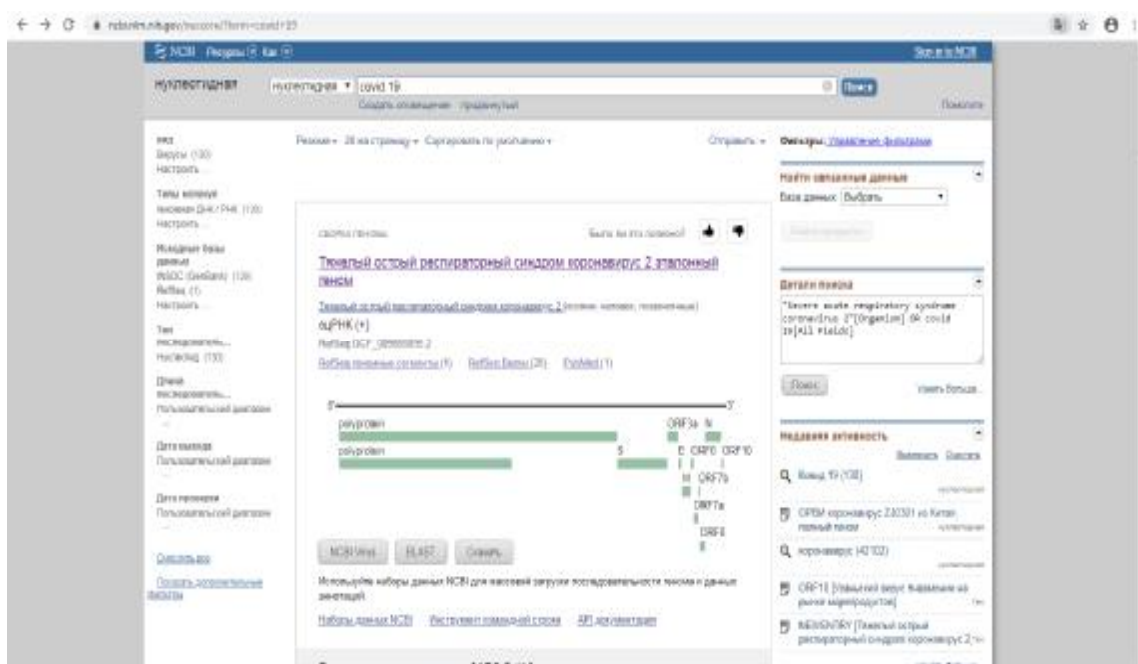
BLAST БАҒДАРЛАМАСЫН ПАЙДАЛАНЫП, АУЫР ЖЕДЕЛ РЕСПИРАТОРЛЫҚ КОРОНАВИРУС 2 SARS-COV-2 СИНДРОМЫ ГЕНОТИПІН ЗЕРТТЕУ

Қанатова Н. Қ.

Ауыр жіті респираторлық синдром (ТОРС), SARS ретінде танымал, "қызғылт өлім", сондай-ақ БАҚ –та типтік пневмония ауруының алғашқы жағдайы 2002 жылдың қарашасында Қытайдың Гуандун провинциясында тіркелген. Көбею барысында вирус өкпе альвеола жасушаларын бұзады. Жұқтыру 2 ай ішінде көршілес Гонконг пен Вьетнамға, ал 2003 жылдың ақпан айының соңында және одан әрі — басқа елдер мен континенттерге таралды. ТОРС ауруының соңғы жағдайы 2003 жылдың маусымында тіркелді. Барлығы 8437 ауру оқиғасы тіркелді, оның 813-і өліммен аяқталды.

Арудың көріну белгілері: қызба (дене температурасы 38°C немесе одан жоғары, қалтырау), бас ауруы, жалпы әлсіздік, миалгия (бұлшықет ауруы), құрғақ жөтел.

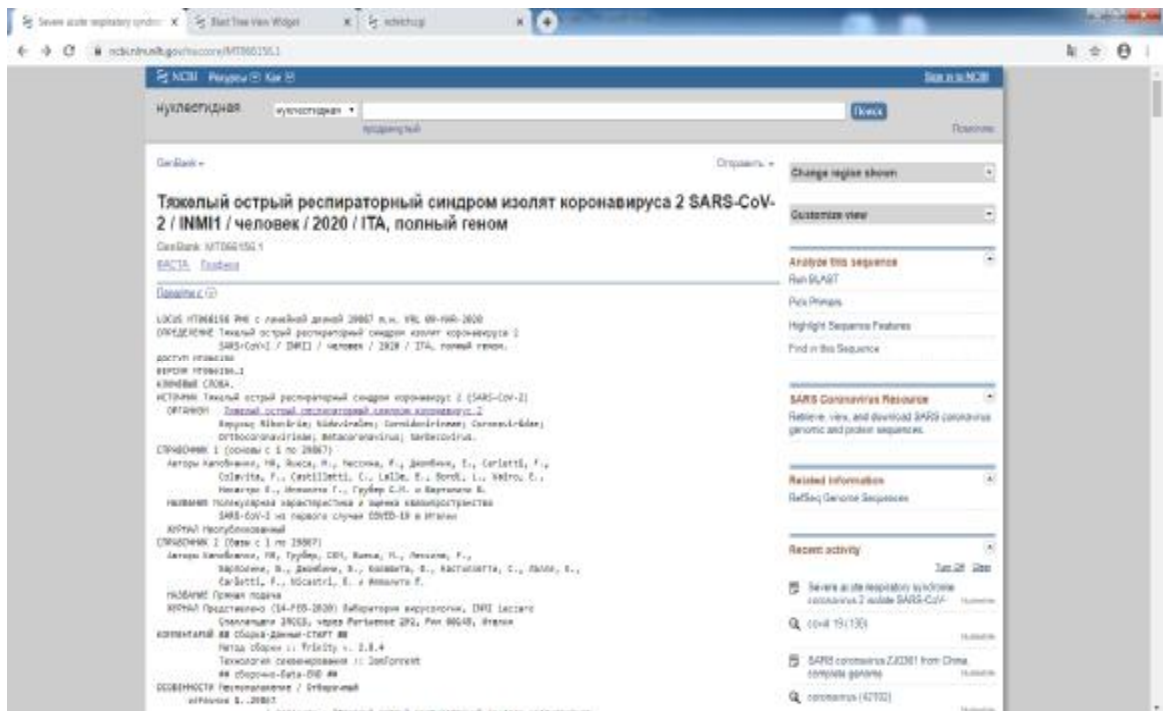
Blast бағдарламасын пайдаланып, ауыр жедел респираторлық коронавирус 2 SARS-CoV-2 синдромы генотипін зерттеу үшін, NCBI ресурстарын пайдаландық. Зерттеу барысында ауыр жедел респираторлық коронавирус 2 SARS-CoV-2 геніне ізденіс жасалынды. Blast бағдарламасын пайдаланып нуклеотидтік гендер жиынтығы анықталды (1-сурет).



1-сурет. Blast бағдарламасын пайдаланып нуклеотидтік гендер жиынтығын табу

Blast бағдарламасын пайдаланып, ауыр жедел респираторлық коронавирус 2 SARS-CoV-2 геном жиынтығы анықталды (2-сурет).

Геном - ағзаның жасушасында жасалған тұқым қуалайтын материалдың жиынтығы. Геном ағзаны құру және қолдау үшін қажетті биологиялық ақпаратты қамтиды.



2-сурет. Толық геном жиынтығы

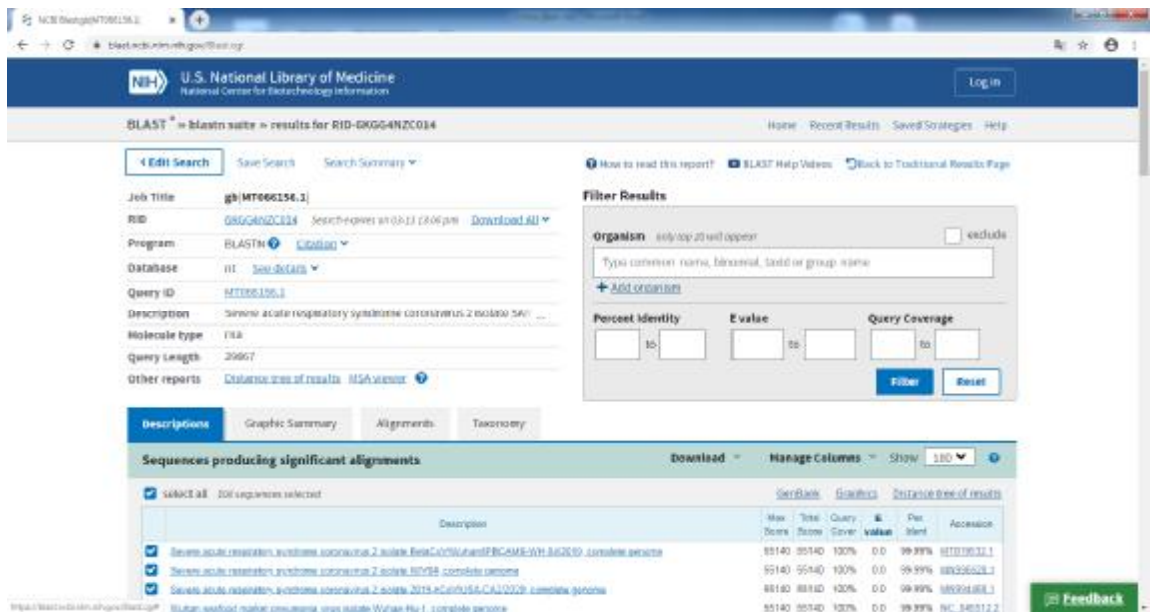
Blast бағдарламасын пайдаланып, ауыр жедел респираторлық коронавирус 2 SARS-CoV-2 геномының нуклеотидін анықталды (3-сурет).

Нуклеотидтер коллекциясы GenBank + EMBL + DDBJ + PDB + RefSeq тізбектерінен тұрады, бірақ EST, STS, GSS, WGS, TSA, патенттер, сондай-ақ 0, 1 және 2 HTGS фазалары тізбектерінен тұрады. Тізбек ұзындығы 100 МБ артық. Деректер қоры артық емес. Бірдей бірзділік қосылу, GI, әр жазу үшін атау және таксономия туралы ақпаратты сақтай отырып, бір жазбаға біріктірілді.

Молекула түрі: аралас ДНҚ

Жаңартылған күні: 2019/10/03

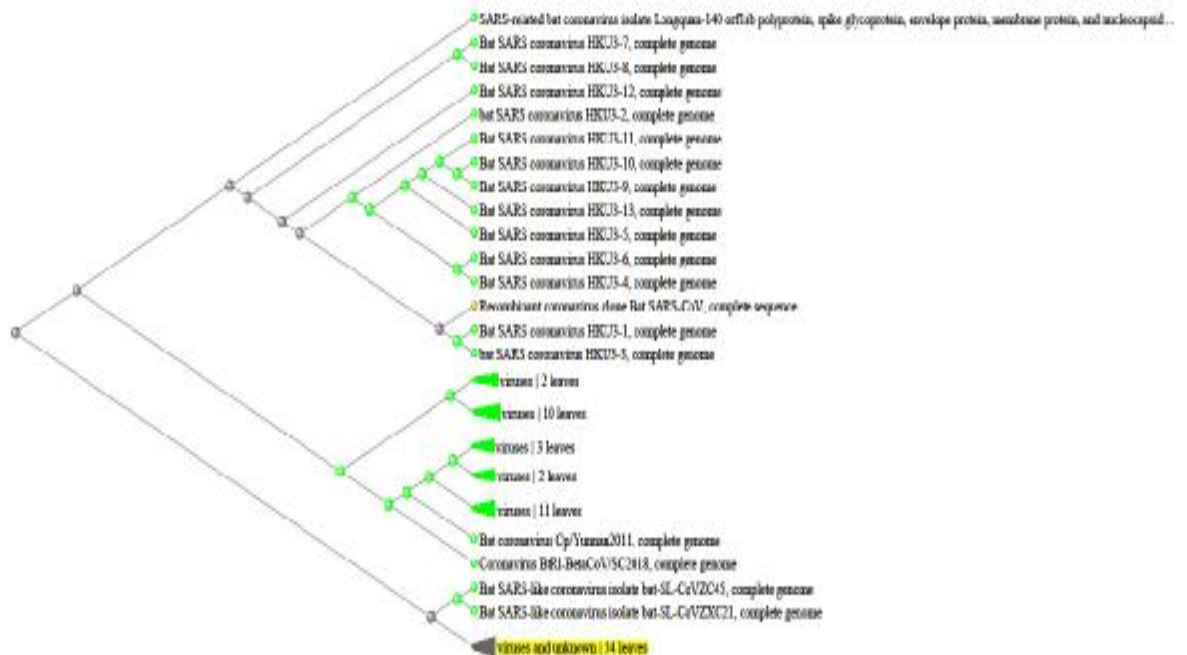
Тізбектер саны: 56635709



3-сурет. Стандартты blast нуклеотиді

Ауыр жедел респираторлық коронавирус 2 SARS-CoV-2 синдромы геномының филогенетикалық ағашын құрастыру үшін Distance tree results функциясы пайдаланылады.

Филогенетикалық ағаш, әдетте, ақуыздардың немесе нуклеин қышқылдарының (ДНК немесе РНК) реттілігі бойынша қайта жаңартылады. Ағаштар арнайы есептеу алгоритмдерін пайдалана отырып, кіру тізбектерінің ерікті саны бойынша құрылады. Осы ағаш топологиясындағы тізбектердің осы жиынтығының сәйкестігінің ең сенімді шарасы ең көп шындықты қолдану қағидатына негізделген шара болып саналады. Филогенетикалық ағаш құрастыру нәтижесі Slandedрежимінде орындалды (4-сурет).



4-сурет. Ауыр жедел респираторлық коронавирус 2 SARS-CoV-2 синдромы геномының филогенетикалық ағашы

Blast бағдарламасының көмегімен генотипті зерттеулер жүргізу тиімді, әрі қолайлы болып табылады. Биостатистикалық нақты мәліметтер алынады.

Жүргізілген зерттелу жұмыстарының нәтижесінде, ауыр жедел респираторлық коронавирус 2 SARS-CoV-2 синдромының генотипі туралы маңызды мәліметтер анықталды.

Пайдаланылған әдебиеттер:

1. Қуандықов Е.Ө., Аманжолова Л.Е., Молекулалық биология негіздері. А., 2008, б.100-110.
2. Жимулев И.Ф. Общая и молекулярная генетика.Новосибирск, 2006, б. 237-351.
3. Аманжолова Л.Е. Жалпыжәне медициналық генетиканың биологиялық негіздері. А.,2006, б. 65-77.