

Научно-исследовательская лаборатория молекулярной вирусологии и онкологии



Направления работы

Изучение феномена опухолеспецифической экспрессии эволюционно новых генов
Изучение феномена низкого генетического разнообразия ВИЧ-1 и выявление лекарственной устойчивости у циркулирующих штаммов вируса в России

Основные исследования, эксперименты и разработки

Экспериментальная проверка генов на опухолеспецифичность с помощью ПЦР на панелях кДНК из опухолевых и нормальных тканей человека
Определение эволюционной новизны выбранных генов с помощью программ HomoloGene.release68 и ProteinHistorian.

Оптимизация подхода NGS для определения числа различающихся вирусных вариантов в анализируемом образце на основании участка генома длиной, соответствующей максимальной длине прочтения (400 п.н.). Исследования проводятся по следующим направлениям: - определение чувствительности метода NGS с точки зрения обнаружения редких вирусных вариантов в искусственно приготовленной смеси различных клонированных вариантов ВИЧ-1; - применение подхода «PrimerID» (введение случайного идентификатора при синтезе кДНК) для секвенирования реальных вирусных вариантов и отсеивания мутаций, возникающих *in vitro* в результате ПЦР и секвенирования. - оптимизация выявления мутаций лекарственной устойчивости ВИЧ-1 в гене *pol* и определение порога чувствительности метода.

Разработка и усовершенствование биоинформатических методов анализа результатов глубокого секвенирования. Оптимизация анализа гаплотипов ВИЧ-1 как внутри индивида, так и популяции. Сравнение известных методов оценки генетического разнообразия вируса и подбор оптимального метода для каждого гена ВИЧ-1

Основные партнеры

ЧНИУ "Биомедицинский центр"; ФГУП "ГосНИИ ОЧБ" ФМБА России; ИФНиТ