

# Обзор генома бактерии *Ruminiclostridium cellulolyticum* H10


ВАСИЛЬЕВА АННА СЕРГЕЕВНА

студентка Факультета биоинженерии и биоинформатики, Московский Государственный университет имени М. В. Ломоносова, г. Москва, Российская Федерация .

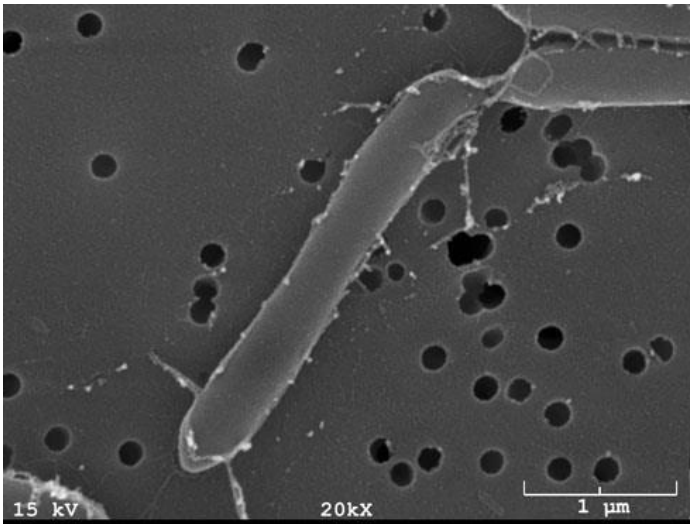
Главной целью данной работы является изучение генома бактерии *Ruminiclostridium cellulolyticum* H10. В данной работе определено число генов белков и РНК (по категориям), построена гистограмма длин белков из протеома бактерии и таблица числа генов белков, псевдогенов и генов РНК на прямой и комплементарной цепочках ДНК. Геном проанализирован с помощью программы Excel.

**КЛЮЧЕВЫЕ СЛОВА:** *Ruminiclostridium cellulolyticum* H10, геном, РНК, белок, исследование, протеом.

## ВВЕДЕНИЕ

Таксономия <i>Ruminiclostridium cellulolyticum</i>	
Lineage( full )	
cellular organisms	
Bacteria	
Terrabacteria group	
Firmicutes	
Clostridia	
Clostridiales	
Hungateiclostridiaceae	
Ruminiclostridium	
Ruminiclostridium	
<i>Ruminiclostridium cellulolyticum</i>	

*Ruminiclostridium cellulolyticum* - мезофильная палочковидная анаэробная бактерия, которую сначала выделяли из загнивающей травы. Способность бактерии разлагать целлюлозу является активной областью исследований. Два продукта этой реакции представляют интерес (этанол и водород), так как могут быть использованы в качестве альтернативного источника энергии. Они имеют гораздо более низкие выбросы, чем ископаемые виды топлива, что позволяет им быть более чистыми источниками энергии, а также они устойчивы. Эти продукты могут даже способствовать снижению тенденции к увеличению выбросов парниковых газов ( биотопливо ). Это делает *Ruminiclostridium cellulolyticum* H10 (или *Clostridium cellulolyticum* H10)



Бактерия содержит 4068724 пар нуклеотидов.

Цель данной работы - изучить геном *Ruminiclostridium cellulolyticum*, выявить самые интересные моменты, связанные с данным геномом, и исследовать их.

## МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Анализ последовательностей ДНК

На основе плоской таблицы генов бактерии, для подсчета количества генов белков, псевдогенов, генов рРНК, тРНК и яРНК была использована сводная таблица. Распределение белков по длинам было реализовано с помощью логической функции СЧЁТЕСЛИМН(). ( Таблица 1)

Распределение генов по цепочкам ДНК			
	гены белка	псевдогены	гены на рнк
прямая(+)	1431	0	49
комплементарная(-)	1690	14	14
всего	3121	14	63

Таблица 1

Таким образом, штамм бактерии содержит 3121 белок-кодирующих, 63 РНК-кодирующих генов и 14 псевдогенов. Гены белков, а также псевдогены распределены по цепочкам не равномерно (гены белков: 1431 на прямой и 1690 на комплементарной; псевдогены: 0 на прямой и 14 на обратной). А вот гены РНК находятся в основном на прямой цепи, чем на обратной. Интересно, что на прямой цепи нет псевдогенов (значит в какой-то момент времени значение их функции было утрачено для этой бактерии ).

Максимальная и минимальная длины продуктов, среднее значение, стандартное отклонение от среднего и медиана длин кодирующих последовательностей были подсчитаны с помощью статистических функций МАКС(), МИН(), СРЗНАЧ(), СТАНДОТКЛОН.В() и МЕДИАНА() соответственно (Таблица 2). Как видно из таблицы отклонение от среднего значительное, близкое к средней длине

мин	макс	средн., длина	среднеквадрат., отклонение	медиана
73	17564	1028,917517	1017,158225	842

Таблица 2

## РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ

Количество генов белков и РНК по категориям

Большую часть генов кодируют гипотетические белки (т.е. геном бактерии не полностью изучен, т.к. они обычно не проявляются у организма). Также в таблице 3 можно заметить, что число генов, с которых транскрибируются тРНК, больше числа их видов, т.е. один вид тРНК может транскрибироваться с разных участков кольцевой молекулы ДНК. Все это, вероятно, последствия эволюции:)

Число генов белков по категориям			
ribosomal	transporter/transport	hypothetical	other
57	103	321	2909

таблица 3

Число генов РНК по категориям		
tRNA	rRNA	other
63	24	2

таблица 4



Рисунок 1.

На рисунке 1 представлена гистограмма распределения длин белков из протеома изучаемой бактерии. Из рисунка 1 видно, что большинство белков имеют длину 1000-2000 а.о. Поскольку минимальная длина равна 11, максимальная – 1189, а средняя – 273,6, можно сделать вывод о том, что протеом бактерии довольно разнообразен. Самые большие длины скорее всего имеют белки, выполняющие сложные функции.

СОПРОВОДИТЕЛЬНЫЕ МАТЕРИАЛЫ : <http://kodomo.fbb.msu.ru/~anechka/term1/index.html>

БЛАГОДАРНОСТИ : Выражаю благодарность моим однокурсникам и преподавателям.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ:

1. [https://microbewiki.kenyon.edu/index.php/Clostridium\\_cellulolyticum\\_H10](https://microbewiki.kenyon.edu/index.php/Clostridium_cellulolyticum_H10)
2. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/1451>
3. [https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/NC\\_011898.1](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/NC_011898.1)