

Обзор генома и протеом бактерии *Corynebacterium glutamicum* ATCC 13032

Федосеева Валерия Витальевна

Факультет биоинженерии и биоинформатики МГУ им. М. В. Ломоносова

РЕЗЮМЕ

В данной работе предоставлен краткий обзор генома и протеома бактерии *Corynebacterium glutamicum* ATCC 13032. Были получены такие данные о протеоме, как минимальная и максимальная длина белка, среднеквадратичное отклонение от средней длины и её медиана. Также были получены некоторые сведения о геноме: числа генов белков, псевдогенов и генов РНК на прямой и комплементарной цепи ДНК. Для выполнения данной работы были задействована программа Apache OpenOffice

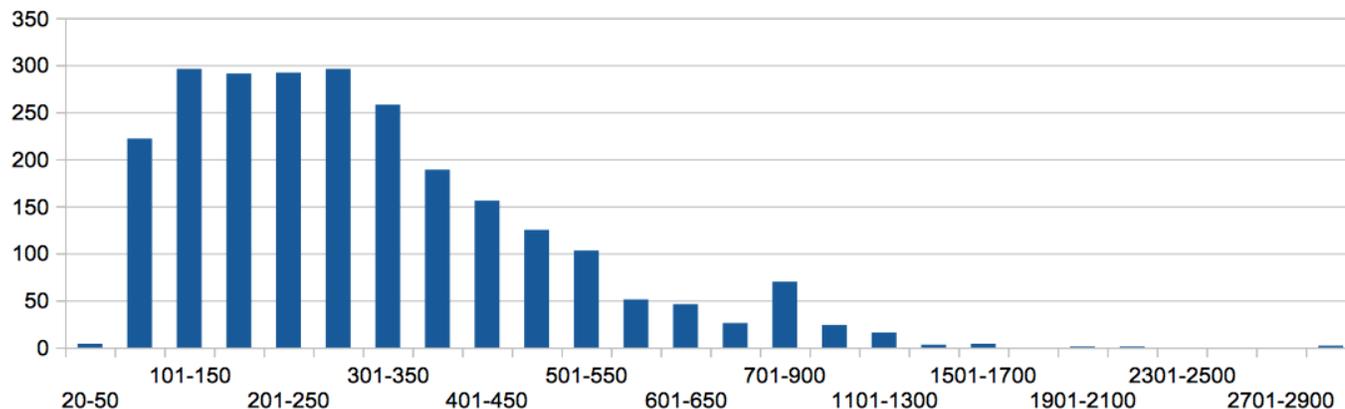
1. ВСТУПЛЕНИЕ

Corynebacterium glutamicum - непатогенная бактерия, широко задействованная в исследованиях метаболической инженерии. используемая в производстве аминокислот, в частности, глутаминовой кислоты, которая является важной аминокислотой для различных промышленных и медицинских применений.

Впервые она была выделена в 1950-х годах из японской почвы во время поисков природных продуцентов L-глутамата. С тех пор его более чем 50 лет тщательно исследовали и использовали в качестве общепризнанного безопасного организма в ферментации. В настоящее время данная бактерия используется для ежегодного производства 2 160 000 тонн L-глутамата и 1 480 000 тонн L-лизина. После разработки инструментов геномной инженерии геном *C. glutamicum* был секвенирован и обнаружен в 2003 году, и были разработаны такие омикские технологии, как исследования транскриптома. Эти вехи ознаменовали начало обширных исследовательских усилий по метаболической инженерии *C. glutamicum*, первоначально для производства L-глутамата и L-лизина, а затем для производства различных продуктов, таких как органические кислоты, спирты или диамины. Точно так же использование альтернативных источников углерода, которые в отличие от традиционных сахаров, глюкозы и фруктозы, не имеют конкурирующих применений в пищевой промышленности, стало возможным благодаря метаболической инженерии. Филогенетическое дерево данного вида представлено на рисунке 1.

2. МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

При написании обзора были использованы данные с сайта NCBI. Обработка данных была произведена с помощью таблиц Apache OpenOffice. Сначала файла с информацией о геноме из базы данных NCBI был импортирован в электронные таблицы OpenOffice. Затем, с помощью функций MIN, MAX, AVERAGE, STDEV и MEDIAN были получены основные данные о длинах белков и, на основе этих данных, была построена гистограмма, отображающая количество белков разной длины. Также, с помощью функции COUNTIFS были получены некоторые сведения о геноме бактерии.



Гистограмма 1. Распределение длин белков.

3.2 Распределение генов на цепях ДНК

Было посчитано количество генов белков, псевдогенов и генов РНК на прямой и обратной цепях. Результаты предоставлены в Таблице 2.

	Прямая	Обратная
Генов белков	1270	1210
Псевдогенов	26	28
Генов РНК	44	30

Таблица 2. Распределение генов на цепях ДНК.

4. СОПРОВОДИТЕЛЬНЫЕ МАТЕРИАЛЫ

<https://kodomofbb.msu.ru/~semperes/term1/> (Практикум 13)

5. СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/?term=Corynebacterium+glutamicum+ATCC+13032>

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3962153/>