

Обзор генома бактерии *Corynebacterium* *testudinoris*

Автор: Суздаденко Анна

Введение

Corynebacterium testudinoris – грамположительная факультативно аэробная бактерия из филума Actinobacteria. Впервые была найдена в некротическом поражении рта у черепахи. Бактерия была успешно культивирована на кровяном агаре с 5% дефибринизированной кровью овцы при температуре 37° и атмосферным воздухом с содержанием 5% CO₂. Вместе с *Corynebacterium felinum*, вызывающим смертельное заболевание кошек, образуют кладу, отдаленную от остальных *Corynebacterium* (Matthew D. Collins, Lesley Hoyles, Roger A. Hutson, 2001). Геном *Corynebacterium testudinoris*, представляющий собой кольцевую хромосому с 2,7 млн. пар нуклеотидов, был полностью секвенирован. Его GC состав 63,14%, кодирующая часть 91,62% (Christian Rückert, Martin Kriete, 2015).

Резюме

Цель мини-обзора заключалась в анализе генома и протеома *C.testudinoris*. Были составлены гистограммы длин белков и генов, таблица числа генов по типам и таблица частот нуклеотидов.

Ключевые слова

Corynebacterium testudinoris, proteome, genome

Материалы и методы

Использовался файл со списком генов Primary assembly GCF_001021045.1 Genomic accession NZ_CP011545.1; а также fasta-файл генома *C.testudinoris* из базы данных Genome NCBI.

Фильтр, сортировка, связь таблиц, оформление простой таблицы и диаграмм, адресация с использованием \$, распространение формул, вычислительные формулы.

Результаты и обсуждение

В ходе работы было освещено 5 подтем.

1. Геном

Геном *C.testudinoris* действительно представлен 1 хромосомой длиной 2721226 пар нуклеотидов.

1.1 GC-состав

Был подтверждён GC-состав 63,14%.

2. Типы генов

Всего у бактерии 2609 генов, из них 2515 белок-кодирующих, 26 псевдогенов, 51 тРНК, 12 рРНК, 1 транспортно-матричная РНК, 2 SRP-РНК и 2 РНК рибонуклеазы Р.

Таблица 1. Гены по типам

Gene_type	Count
proteins	2515
pseudogenes	26
tRna	51
rRna	12
tmRNA	1
SRP_RNA	2
RNase_P_RNA	2

3. Длины белков

Медианный белок состоит из 282 аминокислот, минимальный из 33, максимальный из 3015. На графике 1 видно, что рассматриваемое распределение не нормальное, что белков с меньшей длиной значительно больше. Самая частая длина белков составляла около 200-300 аминокислот, согласно гистограмме 1.

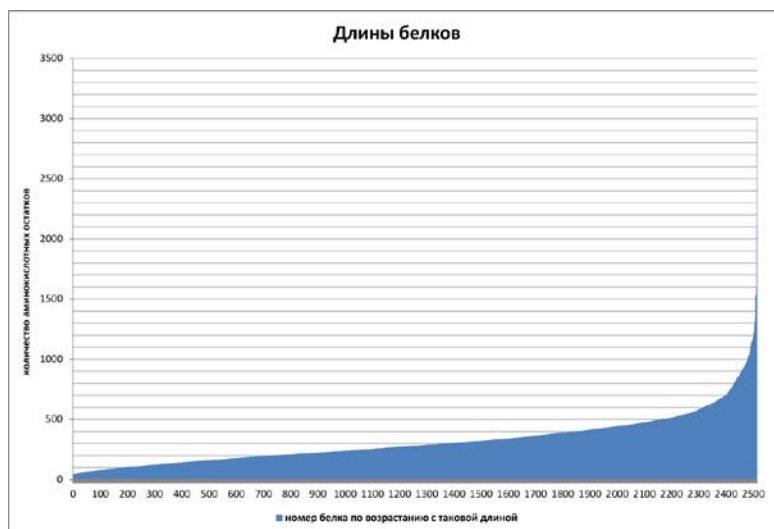


График 1. Распределение длин белков



Гистограмма 1. Распределение длин белков

4. Длины генов

На графике 2 видно, что распределение длин генов *C.testudinoris* не является нормальным, его вид схож с распределением длин белков бактерии. Медианный ген из 834 пар нуклеотидов, минимальный из 71, максимальный из 9048 п.н., что говорит о том, что в среднем длина РНК у данной бактерии в 3 раза больше длины в аминокислотных остатках белков *Corynebacterium testudinoris*, что может объясняться как большей длиной некодирующих РНК, так и происхождением белков из более длинных исходных полипептидов.



График 2. Распределение длин генов

5. Частоты нуклеотидов

Выяснилось в ходе работы, что, согласно таблице 2, доля аденинов почти равна доле тиминов, примерно 0,18. И число гуанинов равно числу цитозинов, около 0,315 от числа всех нуклеотидов. Других азотистых оснований не было обнаружено. Кажется необычным, требующим более подробного изучения выполнение правила Чаргаффа в пределах одной цепи.

Таблица 2. Количества и доли от общего числа нуклеотидов

	количество	частоты азотистых оснований
A	501486	0,184286788
T	501602	0,184329416
G	858892	0,315626853
C	859246	0,315756942
Всего	2721226	

Заключение

В ходе мини-обзора был выполнен частичный анализ генома и протеома бактерии *Corynebacterium testudinoris*, который нуждается в дальнейшем продолжении и проверке корректности, добавления и уточнения исходных данных.

Сопроводительные материалы

Таблица Suzdalenko-supple-fin с информацией о геноме и протеоме *C.testudinoris*:
https://kodomo.fbb.msu.ru/~suzdal20/term1/Suzdalenko_fin.xlsx

1. Лист genes с данными о генах
2. Лист genome_size с размером генома и частотой нуклеотидов в нём
3. Лист genes_per_types с количеством генов различного типа в геноме
4. Лист length_of_genes с гистограммой распределения генов по длинам
5. Лист length_of_proteins с гистограммой распределения белков по длинам
6. Лист bases_frequency с частотой различных азотистых оснований

СПИСОК ИСТОЧНИКОВ:

1. M D Collins, et all., ***Corynebacterium testudinoris* sp. nov., from a tortoise, and *Corynebacterium felinum* sp. nov., from a Scottish wild cat.** Int J Syst Evol Microbiol. 2001;51(Pt 4):1349-1352.

2. Christian Rückert, et al., **Complete Genome Sequence of the Type Strain *Corynebacterium testudinatoris* DSM 44614, Recovered from Necrotic Lesions in the Mouth of a Tortoise.** Genome Announc. 2015;3(4):e00784-15. doi: 10.1128/genomeA.00784-15.
3. Директория с данными о геноме *Corynebacterium testudinatoris* на сайте NCBI:
ftp://ftp.ncbi.nlm.nih.gov/genomes/all/GCF/001/021/045/GCF_001021045.1_ASM102104v1