

МИНИСТЕРСТВО ОБРАЗОВАНИЯ РЕСПУБЛИКИ БЕЛАРУСЬ
БЕЛОРУССКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ
БИОЛОГИЧЕСКИЙ ФАКУЛЬТЕТ
Кафедра микробиологии

КЛУНДУК
Евгений Вячеславович

АНАЛИЗ ГЕНОМОВ БАКТЕРИЙ
***CORYNEBACTERIUM GLUTAMICUM* БИМ В-77 И БИМ В-78**

Аннотация к дипломной работе

Научный руководитель:
Заведующий НИЛ Биотехнологии
Потапович Максим Иосифович

Минск, 2025

АННОТАЦИЯ

Дипломная работа: 53 с., 4 табл., 16 рис., 62 источника, 1 приложение.
CORYNEBACTERIUM *GLUTAMICUM*, ГЕНОМ, ПОЛНОГЕНОМНОЕ СЕКВЕНИРОВАНИЕ, СБОРКА ГЕНОМА, L-ЛИЗИН, МЕТАБОЛИЧЕСКИЕ СЕТИ, ПРОФАГИ, IS-ЭЛЕМЕНТЫ.

Объекты исследования: штаммы *C. glutamicum* БИМ В-77 и БИМ В-78.

Цель работы: анализ геномов двух штаммов *C. glutamicum* БИМ В-77 и БИМ В-78 и определение наиболее подходящего претендента для метаболической инженерии с целью получения штамма-продуцента лизина.

Методы исследования: выделение ДНК, пробоподготовка, секвенирование Illumina, биоинформатические методы анализа нуклеотидных последовательностей.

Полученные результаты: в ходе исследования было проведено полногеномное секвенирование штаммов *C. glutamicum* БИМ В-77 и БИМ В-78, осуществлены сборка нуклеотидных последовательностей их хромосом и их анализ.

В результате проведенной работы по анализу нуклеотидных последовательностей исследуемых штаммов были установлены их размеры хромосом, G+C состав, количество открытых рамок считывания, генов рибосомальной и транспортной РНК. Был проведен анализ метаболических сетей штаммов *C. glutamicum* БИМ В-77 и БИМ В-78, установлены гены, инактивация которых может повысить выход L-лизина. Был проведен поиск мобильных генетических элементов (профагов и IS-элементов) в составе хромосом исследуемых штаммов. Было установлено наличие в штамме БИМ В-78 интактного коринефага SamW. Был проведен сравнительный анализ нуклеотидных последовательностей штаммов БИМ В-77 и БИМ В-78 с другими штаммами *C. glutamicum*, последовательности которых представлены в GenBank. Было установлено, что наиболее близким по нуклеотидным последовательностям к штамму БИМ В-77 является *C. glutamicum* ATCC 13032. В свою очередь, к штамму БИМ В-78 наиболее близким является штамм *C. glutamicum* BE. Основываясь на информации, полученной по итогам проведенного исследования, было установлено, что штамм *C. glutamicum* БИМ В-77 является более предпочтительным кандидатом для метаболической инженерии с целью получения продуцента L-лизина.

Область возможного практического применения: микробиология, генетика, биоинформатика, биотехнология.

АНАТАЦЫЯ

Дыпломная праца: 53 с., 4 табл., 16 рыс., 62 крыніцы, 1 дадатак.

CORYNEBACTERIUM GLUTAMICUM, ГЕНОМ, ПОЎНАГЕНОМНАЕ СЕКВЕНІРАВАННЕ, СБОРКА ГЕНОМА, L-ЛІЗІН, МЕТАБАЛІЧНЫЯ СЕТКІ, ПРАФАГІ, IS-ЭЛЕМЕНТЫ.

Аб'ект даследавання: штамы *C. glutamicum* БІМ В-77 і БІМ В-78.

Мэты працы: аналіз геномаў двух штамаў *C. glutamicum* БІМ В-77 і БІМ В-78 і вызначэнне найбольш прыдатнага прэтэндэнта для метабалічнай інжэнерыі з мэтай атрымання штаму-прадуцэнта лізіну.

Метады даследавання: выдзяленне ДНК, падрыхтоўка проб, секвеніраванне Illumina, біяінфарматычныя метады аналізу нуклеатыдных паслядоўнасцей.

Вынікі: у ходзе даследавання было праведзена поўнагеномнае секвеніраванне штамаў *C. glutamicum* БІМ В-77 і БІМ В-78, ажыццёўлены зборка нуклеатыдных паслядоўнасцей іх храмасом і іх аналіз.

У выніку праведзенай працы па аналізу нуклеатыдных паслядоўнасцей даследаваных штамаў былі ўстаноўлены іх памеры храмасом, G+C склад, колькасць адкрытых рамак счытвання, генаў рыбасамальнай і транспартнай РНК. Быў праведзены аналіз метабалічных сетак штамаў *C. glutamicum* БІМ В-77 і БІМ В-78, устаноўлены гены, інактывацыя якіх можа паввысіць выхад L-лізіну. Быў праведзены пошук мабільных генетычных элементаў (прафагаў і IS-элементаў) у складзе храмасом даследаваных штамаў. Была ўстаноўлена наяўнасць у штаме БІМ В-78 інтактнага карынефага SamW. Быў праведзены параўнальны аналіз нуклеатыдных паслядоўнасцей штамаў БІМ В-77 і БІМ В-78 з іншымі штамамі *C. glutamicum*, паслядоўнасці якіх прадстаўлены ў GenBank. Было ўстаноўлена, што найбольш блізкім па нуклеатыдных паслядоўнасцях да штама БІМ В-77 з'яўляецца *C. glutamicum* ATCC 13032. У сваю чаргу, да штама БІМ В-78 найбольш блізкім з'яўляецца штам *C. glutamicum* BE. На аснове інфармацыі, атрыманай па выніках праведзенага даследавання, было ўстаноўлена, што штам *C. glutamicum* БІМ В-77 з'яўляецца больш пераважным кандыдатам для метабалічнай інжэнерыі з мэтай атрымання прадуцэнта L-лізіну.

Вобласць магчымага практычнага прымянення: мікрабіялогія, генетыка, біяінфарматыка, біятэхналогія.

ANNOTATION

Thesis: 53 p., 4 tables, 16 figures, 62 sources, 1 appendix.

CORYNEBACTERIUM GLUTAMICUM, GENOME, WHOLE-GENOME SEQUENCING, GENOME ASSEMBLY, L-LYSINE, METABOLIC NETWORKS, PROPHAGES, IS-ELEMENTS.

The object of the thesis: two strains *C. glutamicum* BIM B-77 и BIM B-78.

The objectives of the work: analysis of genomes of two strains *C. glutamicum* BIM B-77 и BIM B-78 and identification of the most suitable candidate for metabolic engineering to obtain a lysine-producing strain.

Research methods: DNA extraction, sample preparation, Illumina sequencing, bioinformatic methods for nucleotide sequence analysis.

Results: during the study, whole-genome sequencing of *C. glutamicum* BIM B-77 и BIM B-78 was conducted, followed by assembly and analysis of their chromosomal nucleotide sequences. Analysis of the nucleotide sequences of the studied strains determined their chromosome sizes, G+C content, number of open reading frames, and rRNA and tRNA genes. Metabolic network analysis of *C. glutamicum* BIM B-77 and BIM B-78 identified genes, inactivation of which may increase L-lysine yield. Mobile genetic elements (prophages and IS-elements) were searched within the chromosome. An intact corynephage SamW was detected in strain BIM B-78. Comparative analysis of the nucleotide sequences of strains BIM B-77 and BIM B-78 with other strains, sequences of which are available in GenBank, was performed. It was established that the closest match to strain BIM B-77 in nucleotide sequences is *C. glutamicum* ATCC 13032, while the closest match to strain BIM B-78 is *C. glutamicum* BE. Based on information obtained from the results of the study, it was established that the strain *C. glutamicum* BIM B-77 is a more preferable candidate for metabolic engineering to obtain a producer of L-lysine.

The area of possible practical application: microbiology, genetics, bioinformatics, biotechnology.