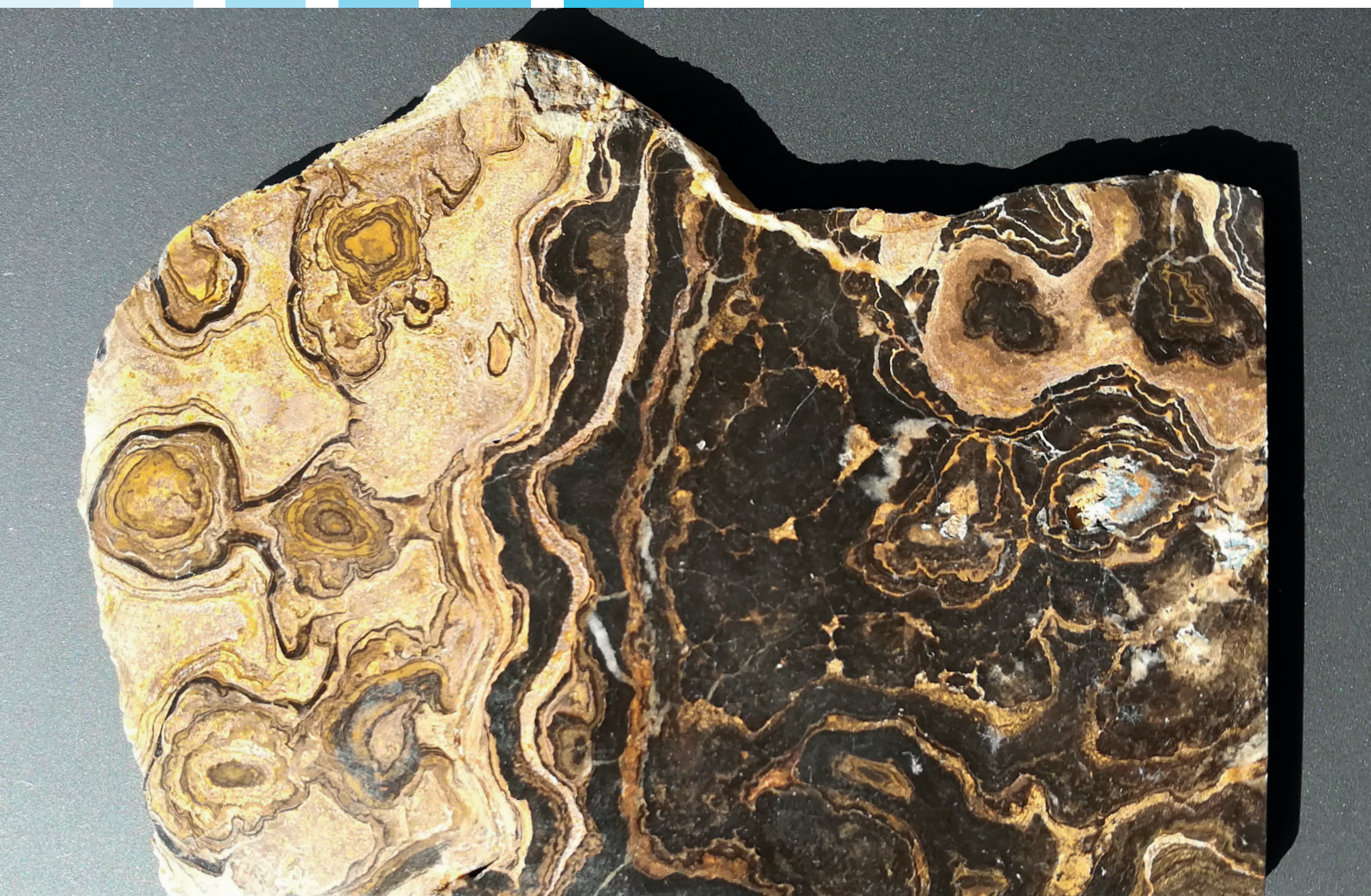
Bacteria varia - Selected Bacteria - Ausgewählte Bakterien

Ähnlichkeiten von Genomen nach dem Quadrupelverfahren

Uwe Kraeft



Bacteria varia - Selected Bacteria -

Ausgewählte Bakterien

Ähnlichkeiten von Genomen nach dem

Quadrupelverfahren

Uwe Kraeft

2020

Titelseite:
Stromatolith, vermutlich unter Mitwirkung von Cyanobakterien gebildet,
Zentral-Bolivien,
El Molino (Miraflores) Formation, Maastrichtium/Oberkreide
(siehe auch [KI S. ii])

Stromatolithen, zum Beispiel von *Collenia*, gehören zu den ältesten bekannten Lebensspuren auf der Erde.

Berichte aus der Medizinischen Informatik und Bioinformatik

Uwe Kraeft

Bacteria varia - Selected Bacteria - Ausgewählte Bakterien

Ähnlichkeiten von Genomen nach dem Quadrupelverfahren

Shaker Verlag
Düren 2020

Bibliografische Information der Deutschen Nationalbibliothek
Die Deutsche Nationalbibliothek verzeichnet diese Publikation in der Deutschen Nationalbibliografie; detaillierte bibliografische Daten sind im Internet über http://dnb.d-nb.de abrufbar.

Copyright Shaker Verlag 2020
Alle Rechte, auch das des auszugsweisen Nachdruckes, der auszugsweisen oder vollständigen Wiedergabe, der Speicherung in Datenverarbeitungsanlagen und der Übersetzung, vorbehalten.

Printed in Germany.

ISBN 978-3-8440-7458-1
ISSN 1432-4385

Shaker Verlag GmbH • Am Langen Graben 15a • 52353 Düren
Telefon: 02421 / 99 0 11 - 0 • Telefax: 02421 / 99 0 11 - 9
Internet: www.shaker.de • E-Mail: info@shaker.de

Vorwort

Dieses Buch ist eine Ergänzung der

„Animalia - Animals - Tiere“,
„Plantae - Plants - Pflanzen“ und
„Vira - Viruses - Viren“;
„Ähnlichkeiten von (mitochondrialen) Genomen nach dem Quadrupelverfahren“

[K1], [KI] und [KV] (siehe Seite 144).

Etwa 300 vollständige Genome von Bakterien aus den Datenbanken des National Center for Biotechnology Information NCBI werden mit der Quadrupelmethode und verschiedenen Auswertungsverfahren untersucht. Dafür wurden unterschiedliche Arten der bekanntesten pathogenen und anderen Bakterien mehr oder weniger willkürlich ausgewählt. Die Genome werden nach einer Einführung in medizinisch anwendungsbezogener beziehungsweise taxonomischer Reihenfolge nach NCBI untersucht.

Es folgen eine kurze Zusammenfassung der Ergebnisse sowie eine Literaturauswahl.

Vorausgesetzt werden grundlegende Kenntnisse der n-Tupelmethode [KB4] (siehe Seite 144).

Die Ergebnisse werden weitestgehend in leicht verständlichen Tabellen dargestellt, deren verbale Fassung wenig Gewinn bringen und den Text nur unnötig aufblähen würde.

Aussagen über Ähnlichkeiten beziehen sich ausschließlich auf den hier durchgeführten Vergleich mit dem Quadrupelverfahren.

Das Buch stellt die Meinung des Autors nach dessen Kenntnissen dar. Der Inhalt wurde sorgfältig auf Fehler geprüft, die aber nicht gänzlich ausgeschlossen werden können. Eine Gewährleistung oder Garantie für die Richtigkeit des Textes kann nicht übernommen werden. Ich bin für entsprechende Hinweise oder Verbesserungs-vorschläge dankbar.

Leimen, Juni 2020 Uwe Kraeft

Preface

This book is a supplement of the

„Animalia - Animals - Tiere“,
„Plantae - Plants - Pflanzen“ and
„Vira - Viruses - Viren“;
„Ähnlichkeiten von (mitochondrialen) Genomen nach dem Quadrupelverfahren“

[K1], [KI], and [KV] (see page 144).

About 300 complete genomes of bacteria from the data banks of the National Center for Biotechnology Information NCBI are investigated by the Quadruple Method and different analyse procedures. For this purpose, different species from the best known pathogenic and other bacteria were chosen more or less arbitrarily. The genomes are tested after an introduction in medically application-related respectively taxonomic sequence after NCBI.

A short summary of the results is following and a choice of literature.

Basic knowledge of the n-Tuple Method is required [KB4] (see page 144).

The results are shown for the most part in easily understandable tables, which description in words wouldn’t give much profit and would unnecessarily blow up the text.

Statements about similarities refer exclusively to the here given comparison by the Quadruple Procedure.

The book represents the author’s opinion and knowledge. The content is carefully checked for errors, which cannot be excluded. A guarantee or warranty for the text’s correctness cannot be given. I would appreciate discussions, remarks, and hints if there are mistakes.

Leimen, June, 2020 Uwe Kraeft

Inhalt Seite

1. Allgemeines über Bakterien und Archaeen - - - 1
2. Die Genome von *Staphylococcus* - - - - - 5
3. Die Genome von *Streptococcus* - - - - - 23
4. Die Genome von *Streptococcus* und *Enterococcus* - - 29
5. Die Genome von *Bacillus* und *Clostridium* - - - 35
6. Die Genome von *Listeria, Erysipelothrix, Corynebacterium, Actinomyces, Arcanobacterium, Cutibacterium* und *Eubacterium* 41
7. Die Genome der Mycobacteriaceae und Nocardiaceae 47
8. Die Genome der Neisseriaceae und Enterobacterales - 53
9. Die Genome der opportunistischen Enterobacterales - 59
10. Die Genome der Vibrionaceae, Aeromonadaceae, Pasteurellaceae u. a. - - - - - - - 65
11. Die Genome der Campylobacterales, Pseudomonadaceae und Legionellaceae - - - - - - - 71
12. Die Genome von *Brucella, Bordetella, Francisella, Bacteroides, Prevotella, Porphyromonas* und *Fusobacterium* 77
13. Die Genome von *Treponema, Borrelia, Leptospira, Rickettsia* und *Bartonella* - - - - - - 83
14. Die Genome der Chlamydiaceae und Mycoplasmataceae - 89
15. Die Genome der Lactobacillaceae - - - - 95
16. Die Genome der Leuconostocaceae - - - - 101
17. Die Genome von Gattungen der „Darmflora" - - - 107
18. Die Genome von Arten der Nitrosomonadales sowie von *Acidithiobacillus, Beggiatoa, Chlorobium, Thermochromatium* und *Sulfolobus* - - - - - 113
19. Die Genome ausgewählter Proteobacteria - - - 119
20. Die Genome ausgewählter Firmicutes - - - - 125
21. Die Genome ausgewählter Bacteria varia - - - - 131
22. Ergebnisse - - - - - - - - - 137
23. Literaturauswahl - - - - - - - - 143

Anhang: Taxonomie der untersuchten Bakterien nach NCBI - 145