

## **Biološka raznolikost gena što sadržavaju genetičku uputu za enzime koji razgrađuju ugljikovodike iz uzoraka metagenoma izoliranih iz sedimenata sjevernog Jadranskog mora**

### **SAŽETAK**

Izrađene su tri metagenomske baze (knjižnice) podataka pomoću površinskih uzoraka sedimenata iz sjevernog Jadranskog mora. Jedan je uzorak uzet s izrazito onečišćene lokacije, drugi s nezagađene, a treći, prikupljen s onečišćene lokacije, obogaćen je sirovom naftom. Rezultati metagenomskih analiza pohranjeni su u relacijsku bazu podataka REDPET (<http://redpet.bioinfo.pbf.hr/REDPET>), koja je izrađena na prethodno razvijenoj platformi MEGGASENSE. Baza uključuje taksonomske podatke za procjenu biološke raznolikosti metagenomskih podataka i općenite funkcionalne analize gena provedene pomoću profila skrivenih Markovljevih modela (HMM), temeljenih na bazi podataka KEGG. Razvijen je niz od 22 specijalizirana profila HMM radi otkrivanja gena što kodiraju enzime koji razgrađuju ugljikovodike. Primjenom tih profila je utvrđeno da je metagenomska knjižnica dobivena iz uzoraka obogaćenih naftom sadržavala veći broj gena za aerobnu razgradnju *n*-alkana. Pomoću potencijalnih *alkB* i *almA* gena iz metagenomske knjižnice potvrđena je mogućnost primjene opisanog sustava za procjenu biološke raznolikosti.

**Ključne riječi:** onečišćenje naftom, razgradnja *n*-alkana, baza podataka