

# Описание протеома археи *Vulcanisaeta Moutnovskia* 768-28

Горбатенко Владислав

Факультет Биоинженерии и Биоинформатики МГУ им. М.В. Ломоносова

## РЕЗЮМЕ

В данной работе производился обзор протеома археи *Vulcanisaeta Moutnovska* штамма 768-28. В процессе были определены максимальная, минимальная длины белков, частота встречаемости той или иной длины белка, а так же количество кодирующих генов на прямой и обратной цепях ДНК.

## 1 ВВЕДЕНИЕ

Данная работа представляет собой так называемую «пробу пера». Она осуществлена не столько с целью изучить протеом (на самом деле, даже транскриптом), сколько с целью получить первый опыт в написании научных статей.

## 2 МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Данные по транскриптому археи были взяты с сервера NCBI (<ftp://ftp.ncbi.nlm.nih.gov/genomes/Bacteria/>).

Исследование же транскриптома проводилось с помощью программы Microsoft Office Excel 2007. Были задействованы такие функции как МАКС/МИН (для нахождения соответствующих длин белков), СРЗНАЧ (для нахождения средней длины белков), а так же гистограмма, для нахождения частот длин белков, сводная таблица для составления статистики нахождения генов на прямой или обратной цепи. Возможность строительства диаграмм тоже была мною использована.

## 3 РЕЗУЛЬТАТЫ

### 3.1 Распределение белков по длинам.



Рис 1. Распределение длин белков.

Изучение данных показали, что больше всего белков имеют длину от 100 до 500 аминокислот (1810 белков). Также, мы видим что белков, длиннее 900 аминокислот очень мало.

### 3.2 Распределение генов по прямой и обратной цепям.

Strand	CDS	RNA	Общий итог
-	1156	32	1188
+	1164	36	1200
<b>Общий итог</b>	<b>2320</b>	<b>68</b>	<b>2388</b>

Таблица 1. Расположение генов.

Из данных таблицы видно, что на прямой и обратной цепях располагается примерно одинаковое количество генов.

## 4 ОБСУЖДЕНИЕ

Средняя длина белка бактерии 400-500 аминокислот. Рис. 1 показывает, что у нашей археи большинство белков имеют длины, близкие к средней. А значит, ничего необычного нет в ней, совершенно обычной организм. А вот уже распределение генов по цепям заслуживает интереса. Прямо как во всем известном со школы факте, что при бросании монетки орел выпадет в 50% случаев, тут гены расположены на двух цепях (прямой и обратной) почти в соотношении 50%/50%. Не знаю, какие механизмы за это отвечали, но это достаточно практично: позволяет не иметь много «мусора» в ДНК.

## СОПРОВОДИТЕЛЬНЫЕ МАТЕРИАЛЫ

Присутствуют на сайте