

Мини-обзор протеома бактерии *Bradyrhizobium* sp. CCGE-LA001

Зенишин А.А.^{1*}

РЕЗЮМЕ

В ходе работы я проанализировал геном бактерии *Bradyrhizobium* sp. CCGE-LA001. Изучение этого микроорганизма представляет большой интерес для науки: еще с 1957 года *Bradyrhizobium* sp. широко используется в молекулярной генетике, физиологии и экологии благодаря своей отличной способности к симбиотической азотфиксации.

В процессе выполнения работы мною было установлено число генов, кодирующих белки, транспортные, рибосомальные и другие типы РНК, их распределение по прямой и комплементарной цепям, а также распределение длин белков в геноме бактерии.

Результаты моей работы отражены в таблицах и гистограмме.

1 ВВЕДЕНИЕ

Виды рода *Bradyrhizobium* — грамтрицательные бациллы с единственным полярным или субполярным жгутиком.

Таблица 1. Систематическое положение *Bradyrhizobium* sp.

Kingdom:	<u>Bacteria</u>
Phylum:	<u>Proteobacteria</u>
Class:	<u>Alphaproteobacteria</u>
Order:	<u>Rhizobiales</u>
Family:	<u>Bradyrhizobiaceae</u>
Genus:	<u><i>Bradyrhizobium</i></u>

Это обычные почвенные организмы, способные вступать в симбиотические отношения с бобовыми. Как и прочие клубеньковые бактерии они способны фиксировать атмосферный азот в доступной для других организмов форме. Интерес для науки бактерия представляет из-за способности

фиксировать больше азота, чем может использовать растение. Его избыток остаётся в почве и доступен для других растений. Уплотнённые посевы с бобовыми позволяют снизить потребность растений в азотных удобрениях. Существуют коммерческие инокулянты *Bradyrhizobium*, которые в виде торфа или жидкости можно вносить в почву при посеве семян.



Рис. 1. Срез через клубенёк сои (*Glycine max*). На снимке видна клетка растения с бактериоидом *Bradyrhizobium japonicum* внутри. [1]

2 МЕТОДЫ И МАТЕРИАЛЫ

В своей работе я воспользовался таблицей, содержащий необходимую информацию о геноме *Bradyrhizobium* sp. CCGE-LA001, скачанной из базы данных сайта NCBI [4]. Также для обработки данных мною была использована программа Microsoft Office Excel 2016.

3 РЕЗУЛЬТАТЫ

3.1.1 Число генов

Геном бактерии *Bradyrhizobium* sp. CCGE-LA001 состоит из примерно 7,833,499 п.н. Гены закодированы на прямой и обратной цепях. Количество генов - 7077. То есть около 1107 генов приходится на 1 миллион п.н. Можно сказать, что гены на цепи расположены достаточно плотно.

Количество генов белков и генов РНК по категориям сведено в таблицу 1.

ncRNA	tRNA	tmRNA	rRNA	CDS
3	47	1	3	7023

Таблица 1. Число генов *Bradyrhizobium* sp. CCGE-LA001 по категориям.

Из таблицы видно, что большая часть генов кодирует белки.

3.1.2 Распределение генов

Как уже упоминалось выше, гены закодированы на прямой и комплементарной цепи ДНК. На таблице 2 показано их распределение.

	Direct DNA strand	Complementary DNA strand
Proteins	3519	3504
RNAs	33	21

Таблица 2. Распределение генов *Bradyrhizobium* sp. CCGE-LA001 по цепям ДНК.

Как видно из таблицы, гены по комплементарным цепям распределены достаточно равномерно с незначительным превышением на прямой цепи.

3.2 Распределение длин белков

Белковых продуктов получается меньше, чем генов в геноме, так как гены РНК не кодируют белки, а так же некоторые последовательности занимают псевдогены (гены, в которых произошла «поломка») У *Bradyrhizobium* sp. CCGE-LA001C-1027 **167** псевдогенов (информация с сайта NCBI).

Для более удобного анализа генома микроорганизма я построил гистограмму длин его белков (Рисунок 2).

На гистограмме выделяется один пик. Это означает, что больше всего белков находится в диапазоне длин от 100 до 400 аминокислотных остатков. А самое большое количество(1647) находится на интервале 200-300.

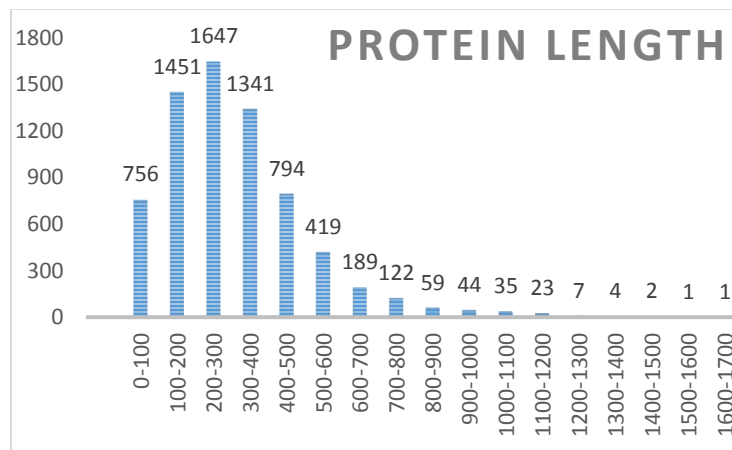


Рис.2. Распределение длин белков *Bradyrhizobium* sp. CCGE-LA001.

Число белков очень резко возрастает, а затем достаточно медленно снижается. Длина варьируется от 26 до 5560 аминокислотных остатков.

4 ОБСУЖДЕНИЕ

Основные, замеченные мной в ходе работы, особенности протеома *Bradyrhizobium* sp. CCGE-LA001:

- Состоит из примерно 7,833,499 п.н. Количество генов - 7077 (около 1107 генов на 1 миллион п.н.). Гены на цепи расположены достаточно плотно.
- Встречается одна транспортно-матричная РНК (довольно редкий тип РНК).
- Равномерное распределение генов на прямой и обратной цепях ДНК.
- Наличие последовательностей CDS, которые не производят белковые продукты (скорее всего это «сломанные»-псевдогены, с которых невозможно синтезировать белок
- Распределение белков по длинам, в сравнении с гистограммами других микроорганизмов, обычное и достаточно распространенное. Длина варьируется от 26 до 5560 аминокислотных остатков.

Я считаю, что эти особенности служат для дополнительного уменьшения размера генома микроорганизма,

5 СОПРОВОДИТЕЛЬНЫЕ МАТЕРИАЛЫ

В статье приведены только конечные результаты работы в программе Excel. Материалы с расчетными формулами и

промежуточными результатами доступны для скачивания по ссылке:

http://kodomofbb.msu.ru/~alexeyzenishin/Zenishin_pr13.xlsx

6 БЛАГОДАРНОСТИ

Хочу выразить свою благодарность преподавателям биоинформатики на Факультете биоинженерии и биоинформатики МГУ им М. В. Ломоносова за поставленную перед нами задачу.

7 СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4796124>
2. <https://ru.wikipedia.org/wiki/Bradyrhizobium>
3. <https://microbewiki.kenyon.edu/index.php/Bradyrhizobium>
4. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/genomes/13546>
(банк данных с исследуемым протеомом)