

---

# Обзор протеома бактерии *Leuconostoc mesenteroides* subsp. *Mesenteroides*, штамм ATCC 8293

Никольская Арина

Факультет Биоинженерии и биоинформатики МГУ, 1 курс

---

## РЕЗЮМЕ

Данная работа посвящена исследованию протеома бактерии *Leuconostoc mesenteroides* subsp. *Mesenteroides*. Были получены данные о распределении длин белков и расположении генов на прямой и обратной цепях ДНК. Была проверена гипотеза о случайном распределении генов по цепям, посчитано число квазиоперонов и перекрывающихся генов.

## 1 ВВЕДЕНИЕ

*Leuconostoc mesenteroides* – вид грамположительных факультативно-анаэробных молочно-кислых бактерий. Гетероферментативные бактерии *Leuconostoc mesenteroides* продуцируют молочную кислоту, тем самым понижая pH окружающей среды. Процесс брожения приводит к ингибированию конкурирующих организмов, развитие которых невозможно в кислой среде. Этот организм также производит экзополисахариды. Коммерческое производство декстранов и леванов *L. mesenteroides* для использования в биохимической и фармацевтической промышленности осуществляется уже более 50 лет. Декстраны используются в производстве наполнителей для плазмы крови, заменителей гепарина для антикоагулянтной терапии, косметики и других продуктов. Еще одним применением декстранов является производство гелей или шариков сефадекса, которые широко используются для промышленного и лабораторного разделения белков.

Геном бактерии состоит из одной кольцевой хромосомы и одной плазмиды (pLEUM1). Всего в геноме 2089 генов, из которых 1960 генов кодируют белки.

"Квазиопероном" называется максимальная последовательность генов, закодированных на одной цепочке с промежутками между генами не более порога 100 п.н.

## 2 МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Данные о протеоме бактерии были получены на сервере NCBI. Обработка данных производилась в программе Microsoft Excel 2016.

Псевдогены, то есть гены не экспрессирующиеся в клетке, я находила в колонке class плоской таблицы.

Для построения гистограммы была использована функция COUNTIFS для выбранного диапазона длин. Для

получения статистических данных о случайном распределении применялась функция RANDBETWEEN для числа событий, равного числу кодирующих генов. Чтобы посчитать число генов в составе квазиоперонов, я дважды использовала функцию IF.

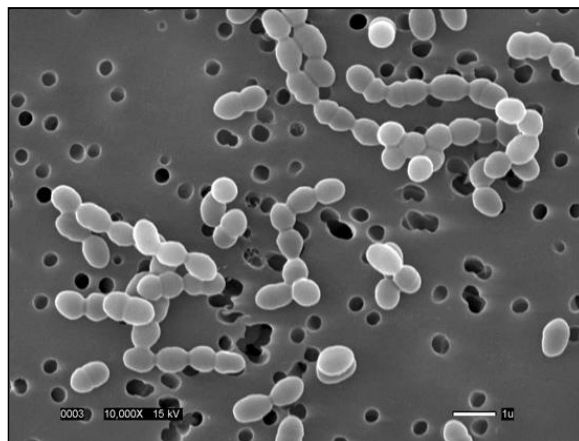


РИС. 1 ЦЕПОЧКИ *LEUCONOSTOC MESENTEROIDES*

## 3 РЕЗУЛЬТАТЫ

### 3.1 Распределение длин белков в протеоме

Результаты распределения белков отображены в гистограмме. Как видно на рисунке 2, в геноме бактерии чаще всего встречаются белки, состоящие из 240-300 аминокислотных остатков. Белки, состоящие из более, чем 900 аминокислотных остатков, встречаются в геноме в единичных экземплярах.

### 3.2 Распределение генов по прямой и обратной цепям

Данные по количеству генов расположенных на разных цепях ДНК представлены в таблице 1. Информация указана для генов хромосомы и плазмиды.

Из таблицы видно, что гены распределены не поровну. Разность между числом генов на прямой и обратной цепи существенна, она превышает максимально достигнутой разность в условиях эксперимента.



**Рис.2** Распределение длин белков в протеоме бактерии *Leuconostoc mesenteroides*. По горизонтали указан диапазон длины в аминокислотных остатках, по вертикали указано число белков, обладающих данной длиной.

	белки	псевдогены	рРНК, тРНК
прямая цепь	1065	27	56
обратная цепь	895	17	29
всего	1960	44	85

**Таблица 1.** Распределение генов по прямой и обратной цепям *Leuconostoc mesenteroides*

### 3.3 Квазиопероны и перекрывающиеся гены

В таблице 2 приведены данные по количеству квазиоперонов и перекрывающихся генов для хромосомы и плазмиды (pLEUM1).

ДНК	квазиопероны	перекрывающиеся гены
хромосома	509	282
плазида	14	5
Всего	523	287

**Таблица 2.** Число квазиоперонов и перекрывающихся генов *Leuconostoc mesenteroides*

### 3.4 Число белков и генов РНК по категориям

В таблице 3 представлено число белков по следующим категориям: рибосомальные, транспортные, гипотетические. Можно заметить, что преобладают транспортные белки, а также большую долю составляют гипотетические белки.

В таблице 4 представлено число генов различных РНК бактерии. Более 80% от числа всех генов составляют транспортные РНК, что согласуется с большим числом транспортных белков из таблицы 3.

Также мной была произведена приближенная оценка числа генов. Она составляет 1025 генов на 1 млн п.н.

Категории	Число белков	Процент от общего числа белков
ribosomal	74	3,78%
transporter	292	14,90%
hypothetical	234	11,94%
остальные	1360	69,39%

**Таблица 3.** Распределение белков по категориям в геноме *Leuconostoc mesenteroides*

Категории	Число генов
tRNA	70
rRNA	12
остальные	3

**Таблица 4.** Распределение РНК по категориям в геноме *Leuconostoc mesenteroides*

## 5. ОБСУЖДЕНИЕ

Для протеома данной бактерии характерны белки длиной от 50 до 500 а.о., составляющие более 80% от общего числа белков. Эта длина является характерной длиной бактериальных белков. Большое число белков в протеоме относятся к гипотетическим.

Анализ распределения генов по цепям ДНК опровергает гипотезу случайного распределения. В результате проверки было выяснено, что вероятность такого события равно нулю, значит гены расположены не случайным образом. Это могло произойти вследствие мутации, или из-за формирования оперонов.

Также можно отдельно проанализировать гены, принадлежащие плазмиде и кольцевой хромосоме. На плазмиду приходится около 2% от всех генов, причем она не содержит генов РНК.

Число квазиоперонов на обратной цепи несколько больше, чем на прямой (см. сопроводительные материалы), вероятно, потому что она состоит из меньшего числа генов. Никаких отклоняющихся результатов при анализе числа квазиоперонов и перекрывающихся генов я больше не обнаружила.

## 6. ЗАКЛЮЧЕНИЕ

*Leuconostoc mesenteroides* интересный и важный объект для изучения, так как имеет прикладное значение и активно применяется в промышленности. С этой бактерией сталкивался каждый человек, ведь она играет важнейшую роль при столь хорошо известных процессах, как соленье огурцов и квашение капусты.

## СОПРОВОДИТЕЛЬНЫЕ МАТЕРИАЛЫ

[Leuconostoc\\_mesenteroides.xlsx](#) – файл с расчётами и результатами

## БЛАГОДАРНОСТИ

Выражаю благодарность А.В.Алексеевскому и С.А.Спирину за помощь в освоении мною биоинформатических методов.

## СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

- [1] NCBI, полный геном *Leuconostoc mesenteroides* subsp. *Mesenteroides* :  
[https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/1078?genome\\_assembly\\_id=300515](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/1078?genome_assembly_id=300515)
- [2] <http://www.gastroscan.ru/handbook/118/8138>
- [3] [https://microbewiki.kenyon.edu/index.php/Leuconostoc\\_mesenteroides](https://microbewiki.kenyon.edu/index.php/Leuconostoc_mesenteroides)