

Обзор протеома бактерии *Mycobacterium bovis* BCG

Логиновский А.О.¹

¹Факультет биоинженерии и биоинформатики Московского Государственного Университета им. М.В.Ломоносова

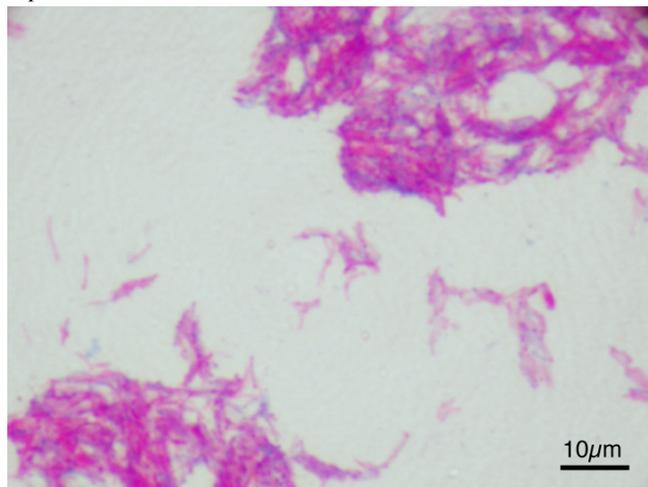
РЕЗЮМЕ

В этом обзоре представлен обзор результатов анализа генома и протеома бактерии *Mycobacterium bovis*. С помощью функционала MS Office Excel я рассчитал количество генов РНК и белков в геноме бактерии, оценил количество генов на 1 млн. нуклеотидных пар, составил гистограмму длин белков и таблицу чисел белков на прямой и комплементарной цепях ДНК.

1 ВВЕДЕНИЕ

Mycobacterium bovis – аэробные неподвижные бактерии, не относящиеся ни к грамположительным, ни к грамотрицательным.^[1] Часто встречаются в природе, могут вызвать туберкулёз у крупного рогатого скота. Известно, что *M. Bovis* может пересекать видовой барьер и заражать других млекопитающих и, в частности, человека.^[2] Скот, страдающий от *M. bovis*, можно найти по всему миру. Некоторые страны Европы и Карибского побережья сумели снизить частоту заболевания, вызванного этой бактерией, к минимуму. Австралия официально объявила, что на её территории болезнь побеждена. Бактерия является устойчивой к пиразинамиду, однако лечится девятимесячным курсом изониазида и рифампицина. Скот же, больной *M. bovis*, обычно отбраковывается. Исследование этой бактерии может помочь в лечении туберкулёза, вызываемого родственной *M. bovis M. tuberculosis*.^[3] На данный момент *M. bovis BCG* – единственная доступная вакцина от туберкулёза^[4].

Рисунок 1. Бактерии *M. bovis* в вакцине Бацилла Кальметта-Герена.



МЕТОДЫ

Для получения информации о геноме бактерии мною была использована программа Microsoft Office Excel 2010. Также она была необходима для графических построений в документе.

Геном бактерии был загружен с сайта National Center for Biotechnology Information

(ftp://ftp.ncbi.nlm.nih.gov/genomes/all/GCF/001/274/555/GCF_001274555.1_ASM127455v1/)

2 РЕЗУЛЬТАТЫ И ВЫВОДЫ

2.1 Гены и ДНК бактерии

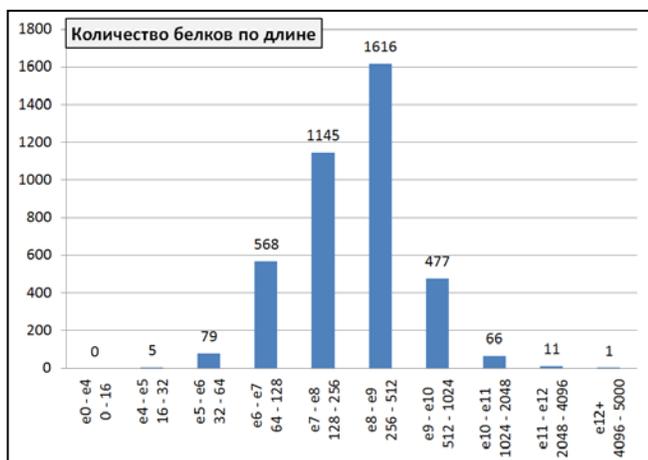
Геном бактерии содержит только одну хромосому. Распределение генов по кодирующей и комплементарной цепям ДНК хромосомы бактерии показано в таблице 1. Всего геном содержит 3968 последовательностей, кодирующих белки и 49 последовательностей, кодирующих бактериальные РНК, а именно: 45 генов тРНК, 3 гена рРНК и 1 ген некодирующей РНК. Также я обнаружил 16 псевдогенов, видимо, появившихся в геноме в результате повреждения имевшихся ранее генов вследствие мутагенеза.

Цепь ДНК	Белки	тРНК	рРНК	нкРНК
Кодирующая	1992	24	3	0
Комплемент.	1976	21	0	1

Таблица 1. Распределение видов последовательностей по ДНК бактерии

Также мною было проанализировано распределение длин белков в геноме бактерии *M. bovis*, оно представлено на гистограмме 1.

Из этого видно, что подавляющее большинство белков имеет длину от 250 до 500. Самый длинный белок – поликетидсинтаза – состоит из 4015 аминокислот. Такая длина обусловлена сложностью строения поликетидов – (обычно) ароматических поликарбониллов, синтезирующихся в организмах бактерий, грибов, животных и растений.



Гистограмма 1. Распределение длин белковых цепей в геноме бактерии *M. bovis*.

2.2 Случайность расположения по цепям ДНК

Мною была предпринята попытка проверки гипотезы о том, что гены распределяются по цепям ДНК в случайном порядке. Для этого я воспользовался функцией БИНОМРАСП() и рассчитал вероятность попадания не более 1998 генов на одну из цепей: 37,6%. Эти данные не противоречат гипотезе, однако, рассмотрев количество «перескоков» цепи (т.е. когда следующий ген оказывается на отличной от предыдущего цепи ДНК), легко сообразить, что данное предположение неверно: действительно, имеется всего 1360 «перескоков» цепи из 4016 возможных (квадр. распр. <<0%!), что опровергает гипотезу и, вероятно, обусловлено бактериальными оперонами.

2.3 Квазиопероны

Квазиоперон - это участок ДНК, содержащий гены, которые предположительно транслируются с одной мРНК (из-за малого расстояния между ними, недостаточного для промотора и т.д.). Количество оперонов не должно быть меньше количества квазиоперонов. Понятно, что квазиоперон эжит на одной из цепей ДНК и расстояние между генами внутри него невелико. Я рассчитал их количество, предположив, что наибольшее расстояние не превышает 50 нуклеотидов – 2682 квазиоперона (он может содержать лишь один ген). Понятно, что при уменьшении наибольшего расстояния количество квазиоперонов увеличится, и наоборот. Однако квазиоперонов, конечно же, не может быть меньше, чем «перескоков» цепи.

2.4 Пересечения генов

Мною были посчитаны наложения генов на одной цепи (544) и между двумя разными цепями (234).

Обсуждение

Несмотря на то, что наука имеет множество материалов по этой бактерии, и учитывая её большую роль в медицине, степень её изучения выглядит недостаточной. Я считаю, что науке необходимо продолжить разработку и изучение этого рода бактерий. Надеюсь, что данная работа смогла внести хоть какой-нибудь вклад в изучение

данного организма и, возможно, окажется полезной для исследований.

СОПРОВОДИТЕЛЬНЫЕ МАТЕРИАЛЫ:

Расчёты:

http://kodomofbb.msu.ru/~arsen_l/term1/prs/M.bovis.xlsx

ИСПОЛЬЗОВАННАЯ ЛИТЕРАТУРА:

- [1] PubMed: "Is Mycobacterium tuberculosis a closer relative to Gram-positive or Gram-negative bacterial pathogens?"
- [2] World Health Organization: "Guidelines for speciation within the Mycobacterium tuberculosis complex"
- [3] International Journal of Systematic and Evolutionary biology: Mycobacterium bovis nom. nov.
- [4] PMC: "Whole-Genome Sequences of Four Mycobacterium bovis BCG Vaccine Strains"