

Мини-обзор протеома бактерии *Chlorobium luteolum* DSM 273

Бостанов Батырша Факультет Биоинженерии и Биоинформатики МГУ имени М.В. Ломоносова.

РЕЗЮМЕ

Эта работа представляет из себя короткий обзор протеома бактерии *Chlorobium luteolum* (штамм DSM 273). Целью работы было выяснить частоту встречаемости белков, различных по длине, а также определить количество генов на прямой и обратной цепях.

ВВЕДЕНИЕ

Исследуемый объект – бактерия *Chlorobium luteolum* DSM 273. Исследование было посвящено определению встречаемости белка в зависимости от его длины, а также нахождению числа генов на прямой и обратной цепях.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Использовавшееся ПО:

- 1) Microsoft Office 2013 Excel
- 2) Far Manager 3.0.4040

Материалы:

- 1) Геном бактерии с сервера NCBI^[1]

Методика:

Методика базировалась на обработке уже существующих данных и заключалась в построении гистограммы, нахождение среднего значения и прочих способах анализа данных.

РЕУЛЬТАТЫ

1. Встречаемость белков в зависимости от их длины.

В ходе исследования было выяснено, что наиболее часто встречающиеся белки имеют длину от 200 до 400 аминокислотных остатков (Рис 1).

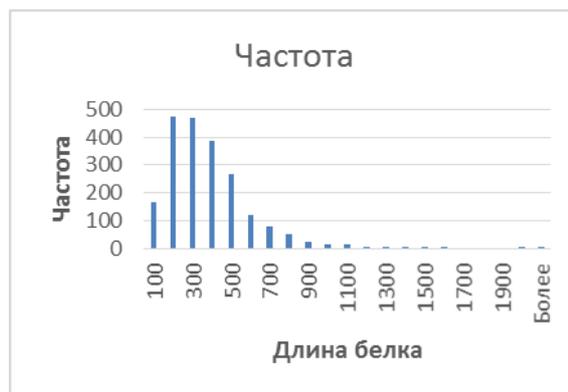


Рис 1. Гистограмма распределения белков

По данным гистограммы также можно утверждать, что с увеличением длины белка частота его встречаемости уменьшается.

2. Распределение генов по цепям.

Названия строк	КП ^[2]	РНК	Общий итог	
-		959	28	987
+		1124	26	1150
Общий итог		2083	54	2137

Рис 2. Распределение генов по цепям

Таблица (Рис 2), составленная исходя из результатов исследования, показывает, что количество генов на обратной и на прямой цепях почти совпадает.

ОБСУЖДЕНИЕ

В ходе анализа данных было выяснено, что средняя длина белка составляет 336 аминокислотных остатков. Диаграмма распределения белков (Рис 1) показывает, что наиболее встречающиеся белки имеют длину от 200 до 400 аминокислотных остатков. Соотношение «средняя длина – максимальное количество» не нарушено, что не вызывает удивления.

Однако почему же почти совпадает количество генов на прямой и обратной цепях (Рис 2)? Возможно, так бактерия добивается наибольшей компактности своего генетического материала, а возможно это

позволяет эффективнее восстанавливать повреждённые участки...

СОПРОВОДИТЕЛЬНЫЕ МАТЕРИАЛЫ

<http://kodomo.fbb.msu.ru/~batyrsha/term1/data.xlsx>

ССЫЛКИ И ПРИМЕЧАНИЯ

[1]

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/?term=Chlorobium+luteolum+DSM+273>

[2] Кодирующая последовательность

ИСТОЧНИКИ

1) NCBI (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>)