

Обзор протеома бактерии *Desulfovibrio alaskensis* G20

Сидлярчук В.В.

Факультет биоинженерии и биоинформатики МГУ им. М.В. Ломоносова

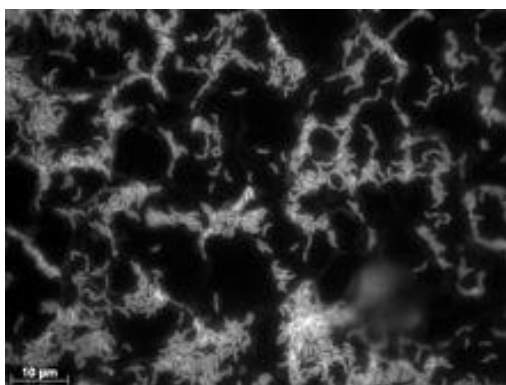
28.12.2018

1. Резюме

Цель - краткий обзор протеома бактерии *Desulfovibrio alaskensis* на основе научных статей, а так же с использованием таблиц Excel. В данной работе было определено общее число белков, число генов на различных цепях ДНК. Так же были составлены гистограммы длин белков.

Ключевые слова: *Desulfovibrio alaskensis* G20, гистограмма, excel, длина белков, бактерия.

2. Введение



Desulfovibrio alaskensis относится к сульфат-редуцирующие бактериям. *D. alaskensis* обладает способностью редуцировать радионуклиды и тяжелые металлы, такие как уран и хром, до растворимых и менее токсичных форм. Штамм G20 *D. alaskensis* представляет собой анаэроб с оптимальным температурным диапазоном 25 ° C-40 ° C. Это грамотрицательная бактерия, имеющая форму стержня, не продуцирует эндоспores и представлен отдельными клетками. Этот штамм, насколько известно, не вызывает никаких заболеваний.

Мотивация для секвенирования

Сульфатредуцирующие бактерии (SRB) наиболее примечательны конечным продуктом их дыхательного обмена - сероводородом, который реакционноспособен и довольно токсичен для растений, животных и человека. Поскольку эти бактерии погибают от воздействия атмосферного кислорода, ниши окружающей среды, наиболее часто занимаемые этими бактериями, являются анаэробными. Таким образом, члены SRB классифицируются только по двум характеристикам: их чувствительность к кислороду и их способность использовать сульфат в качестве конечного акцептора электронов. Эта широкая классификация включает в себя множество видов бактерий, грамотрицательных и положительных, мезофильных и термофильных, морских и пресноводных, эубактерий и архей. Однако представители рода *Desulfovibrio* являются наиболее легко культивируемыми и являются единственными SRB, которые были подвергнуты молекулярно-биологическому анализу.

3. Материалы и методы

Для составления сопроводительных таблиц и гистограмм была использована программа MS Excel. Все сделанные таблицы можно найти в сопроводительных материалах. Информация о белках генома была получена из базы данных Genome NCBI^[1] и банка данных GenBank. Для анализа данных использовались различные статистические функции MS Excel: СРЗНАЧ, СТАНДОТКЛОН, МЕДИАНА, МИН, МАКС, а также сделанная плоская и сводная таблицы.

4. Результаты

В Таблице 1 приведены полученные данные о распределении белок-кодирующих, РНК-кодирующих генов и псевдогенов. Число белок-кодирующих генов на прямой цепи ДНК - 1713, на комплементарной цепи - 1545. Число псевдогенов на прямой цепи – 12, на обратной цепи – 13. Число генов с информацией об РНК равно 37 и 48 на прямой и соответственно комплементарной цепи ДНК.

Цепь/Гены	Гены белков	Псевдогены	Гены РНК
Прямая	1713	12	37
Обратная	1545	13	48

Таблица 1. Число генов по направлению считывания ДНК.

В Таблице 2 представлены полученные статистические данные о протеоме бактерии. Также на Рис.1 показано распределение длин белков.

Минимальная длина	Максимальная длина	Средняя длина	Стандартное отклонение	Медиана
31	3252	331,87	226,37	285

Таблица 2. Статистика длин белков (а.о.)



Рисунок 1. Распределение длин белков в протеоме бактерии.

5. Обсуждения

Сравнивая результаты статистического анализа протеома бактерии, заметим, что среднее значение и медиана длины белка совпадают с результатами построения гистограммы распределения длин белков (Рис. 1), в которой большая часть белком лежит в диапазоне от 100 до 400 аминокислотных остатков. Максимальной длины в более чем 3000 а.о. достигают всего два белка (аминокислотный белок домена аденилирования).

Аминокислотный белок домена аденилирования - домен, ответственный за специфическое распознавание аминокислот и активацию в качестве аденилат аминокислот. Катализируемая реакция представляет собой $AA + АТФ \rightarrow AA-АМФ + РРi$. Эти домены обычно находятся в качестве компонентов многодоменных нерибосомальных пептид-синтетаз и в этом контексте обычно называются «А-доменами». За А-доменами почти всегда следуют «Т-домены» (домены тиолизации), в которые аденилат аминокислоты переносится в виде сложного эфира тиола в связанный кофактор пантетеина с высвобождением АМР (их также называют пептидными белками-носителями, или РСР. Когда А-домен не представляет первый модуль (соответствующий первой аминокислоте в молекуле продукта), ему обычно предшествует «С-домен» (домен конденсации), который катализирует лигирование двух тиоловых эфиров аминокислот из соседних модулей. Этот домен является подмножеством АМР-связывающего домена, который также поражает субстрат - КоА-лигазы и люциферазы.

6. Заключение

Более поздние исследования (Lovley et al., 1993) подтвердили способность ряда штаммов *Desulfovibrio* восстанавливать токсичные металлы, такие как уран и хром. Изменение свойств растворимости, вызванное изменением окислительно-восстановительного состояния металла, представляет собой потенциальный путь для биоремедиации загрязненных грунтовых вод или почв. Генетически доступные штаммы *Desulfovibrio*, включая G20, обеспечивают это снижение. Таким образом, исследования по выяснению пути прохождения электрона, редуктазы металлов, их регуляции и их специфичности заслуживают особого внимания.

7. Сопроводительные материалы

<https://kodomofbb.msu.ru/~crasyempress3090/term1/pr13.xlsx>

8. Благодарности

Выражаю огромную благодарность людям, оказавшим помощь в написании обзора, а именно: Ажугим Денису, Кузнецовой Марии, Орлову Артему, Якушеву Александру, а так же отдельная благодарность нашим замечательным преподавателям по биоинформатике.

9. Список литературы

1. [Геном бактерии на сайте NCBI](#)
2. [Информация о бактерии](#)