

Обзор генома бактерии *Bacillus amyloliquefaciens*

Сурикова Елена

Студентка первого курса ФББ МГУ

РЕЗЮМЕ:

Данный мини-обзор генома бактерии написан в результате исследования её генома и протеома. Он содержит сведения о количестве генов бактерии, их расположении на прямой и комплементарной цепочках ДНК, о длинах белков протеома бактерии и примерную оценку количества генов на 1 млн пар нуклеотидов.

1 ВВЕДЕНИЕ

Bacillus amyloliquefaciens – свободноживущая грамположительная почвенная бактерия. Аэробная, мезофильная, образует эндоспоры.

Таксономия бактерии приведена ниже:

Царство: Bacteria
Тип: Firmicutes
Класс: Bacilli
Порядок: Bacillales
Семейство: Bacillaceae
Род: Bacillus
Bacillus amyloliquefaciens

Bacillus amyloliquefaciens – ризобактерия, образующая колонии на корнях растений. Мутализм с растениями обуславливается стимуляцией роста растения и подавлением патогенов бактерией. Также *B. amyloliquefaciens* способна расщеплять фитиновую кислоту, повышая доступность фосфора для растений.

Используется в агрокультуре для борьбы с патогенами, стимулирования роста, при абиотических стрессах.

В промышленности используется для получения протеаз (гидролазы, расщепляющие пептидную связь между аминокислотами в белках) и амилаз (расщепляет крахмал до олигосахаридов).

Bacillus amyloliquefaciens производит белок-белковый комплекс из барназы и барстара, являющийся одним из самых прочных белковых комплексов в природе. Барназа – рибонуклеаза, природный антибиотик, смертелен для клетки, если не связан с барстаром – внутриклеточным ингибитором.

А также бактерия синтезирует противогрибковые и антибактериальные субстанции.

2 МЕТОДЫ И МАТЕРИАЛЫ

Был использован геном штамма Y14 бактерии *Bacillus amyloliquefaciens*, загруженный с сайта NCBI [1].

Анализ генома был произведён с помощью Microsoft Excel 2010. Использовались такие функции как «СЧЁТЕСЛИ», «СЧЁТЕСЛИМН».

3 РЕЗУЛЬТАТЫ

3.1 Таблица числа генов белков и генов РНК на прямой и комплементарной цепочках ДНК

В таблице 1 представлено распределение генов по цепочкам ДНК.

Таблица 1. Число генов белков и генов РНК в геноме *B. amyloliquefaciens*.

	Число генов белков	Число генов РНК
Прямая цепочка ДНК	1829	81
Комплементарная цепочка ДНК	2017	38

3.2 Число генов белков и генов РНК по категориям, а также примерная оценка их встречаемости на 1 млн пар нуклеотидов

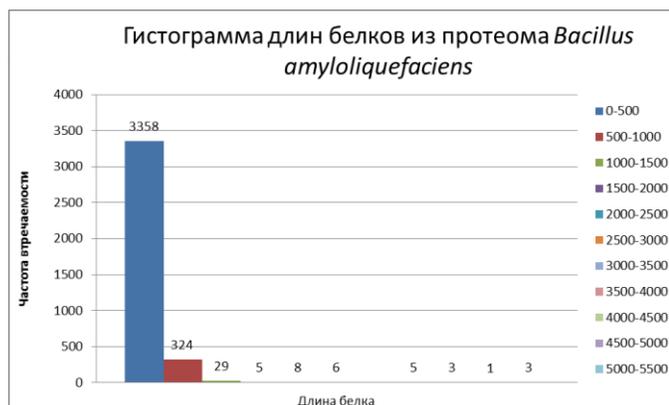
В таблице 2 представлено распределение генов белков и РНК по категориям и примерная оценка их количества на 1 млн пар нуклеотидов.

Таблица 2. Число генов белков и генов РНК по категориям в геноме *B. Amylolyquefaciens* и примерная оценка числа генов на 1 млн п. н.

	Белки	тРНК	рРНК	тмРНК	Некодирующие РНК других функций	РНК частиц узнавания сигнала	Рибонуклеаза Р
Число генов	3846	87	27	1	2	1	1
Число генов на 1 млн п. н.	972	22	7	0.25	0.5	0.25	0.25

3.3 Гистограмма длин белков из протеома бактерии.

На гистограмме 1 представлено распределение белков по длине.



4 ОБСУЖДЕНИЯ

4.1 Расположение генов белков и РНК на цепочках ДНК

Предполагаемые гены белков бактерии располагаются на цепочках в отношении примерно 1,1:1, где больший результат соответствует комплементарной цепочке. Отклонение от ожидаемых, в соответствии с гипотезой о случайном распределении генов по цепочкам, чисел – 94 гена.

Согласно статистическому правилу, если отличие количества генов на цепочке от ожидаемого (половины количества генов в геноме) меньше утроенного корня из произведения количества генов в геноме, предполагаемой вероятности для гена оказаться на цепочке (1/2 в нашем случае) и разности единицы и той же вероятности, то различие следует считать несущественным.

Для генома штамма Y14 бактерии *Bacillus amyloliquefaciens* корень будет равняться примерно 31, в то время как посчитанная разность равна 94, что не даёт нам права уверенно утверждать, что распределение генов белков по цепочкам ДНК носит случайный характер.

Гены РНК бактерии распределились в соотношении примерно 1:2,13, где больший результат соответствует прямой цепочке ДНК. Автор обзора не имеет предположений о причинах столь очевидной разницы.

4.2 Число генов белков и генов РНК по категориям, их встречаемость в геноме

Наибольшее количество (3846) генов кодирует белки, что объясняется широким разнообразием функций, выполняемых ими в клетке.

На долю транспортных РНК приходится 87 генов, что является избыточным количеством, так как типов РНК в клетке насчитывается меньше.

Рибосомные РНК кодируются 27 генами, что вызывает интерес, так как статистически доля рРНК в клетке выше, чем доля тРНК.

Транспортно-матричные РНК (необходимые для восстановления нормального функционирования рибосом при трансляции мРНК, не содержащих стоп-кодона) кодирует один ген.

Один ген кодирует РНК частиц узнавания сигнала (рибонуклеиновые структуры мембраны,

обеспечивающие прохождение через мембрану секретруемых полипептидов).

Один ген кодирует рибонуклеазу Р (фермент, катализирующий деградацию РНК, участвующий в метаболизме тРНК).

Два гена кодируют некодирующие РНК других функций.

4.3 Длины белков

Большинство (3358) имеют сравнительно небольшую длину от 0 до 500 аминокислот. Можно предположить, что именно такой размер является удобным для выполнения функций большинства белков.

324 белка имеют длину от 500 до 1000 аминокислот.

Можно предположить, что белки, имеющие большую длину, являются специализированными.

К примеру, белок, имеющий наибольшую длину, - синтетаза нерибосомного пептида (вторичный метаболит, синтезирующийся не на рибосомах).

5 СОПРОВОДИТЕЛЬНЫЕ МАТЕРИАЛЫ

1. Файл Excel на странице

<http://kodomofbb.msu.ru/~esurikova/pr12.html>

6 СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

[1] Геном *Bacillus amyloliquefaciens* Y14 на сайте NCBI:

https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/NZ_CP017953.1

Molohon KJ, Melby JO, Lee J, Evans BS, Dunbar KL, Bumpus SB, Kelleher NL, Mitchell DA (2011). "Structure Determination and Interception of Biosynthetic Intermediates for the Plantazolicin Class of Highly Discriminating Antibiotics". *ACS Chem. Biol.* 6 (12): 1307-1313

Tan, Shiyong; Gu, Yian; Yang, Chunlan; Dong, Yue; Mei, Xinlan; Shen, Qirong; Xu, Yangchun (2015-11-21). "Bacillus amyloliquefaciens T-5 may prevent *Ralstonia solanacearum* infection through competitive exclusion". *Biology and Fertility of Soils.* 52 (3): 341-351

Chen, Lin; Liu, Yunpeng; Wu, Gengwei; Veronican Njeri, Kimani; Shen, Qirong; Zhang, Nan; Zhang, Ruifu (2016-09-01). "Induced maize salt tolerance by rhizosphere inoculation of *Bacillus amyloliquefaciens* SQR9". *Physiologia Plantarum.* 158 (1): 34-44

Qiu, Meihua; Xu, Zhihui; Li, Xingxing; Li, Qing; Zhang, Nan; Shen, Qirong; Zhang, Ruifu (2014-12-05). "Comparative Proteomics Analysis of *Bacillus amyloliquefaciens* SQR9 Revealed the Key Proteins Involved in *In Situ* Root Colonization". *Journal of Proteome Research.* 13 (12): 5581-5591