

Обзор протеома бактерии *Methylobacterium alcaliphilum* 20Z

Гавриш Глеб

Факультет Биоинженерии и Биоинформатики

Московский Государственный Университет им. Ломоносова, 2015

РЕЗЮМЕ

В работе был произведен сбор информации и анализ генома бактерии *Methylobacterium alcaliphilum* 20Z. По полученным результатам можно получить начальное представление о структуре генома бактерии.

1 ВВЕДЕНИЕ

Систематическое положение:

Домен	Eubacteria
Отдел	Proteobacteria
Класс	Gamma proteobacteria
Порядок	Methylococcales
Семейство	Methylococcaceae

Methylobacterium alcaliphilum

Дата секвенирования: 20 октября 2011

Общая информация:

Methylobacterium alcaliphilum 20Z - это галотолерантные алкалофильные метанотрофы, способные расти в местах с высокой соленостью (до 10% NaCl) и с высоким содержанием метана, а так же в сильно щелочной среде (pH > 9).

Метан они используют в качестве единственного источника энергии, извлекая из него углерод. Штаммы, подобные *Methylobacterium*, широко распространены в сильно засоленных и щелочных бассейнах, таких как содовые озера, где они играют ключевую роль в смягчении выбросов метана.

M. alcaliphilum 20Z имеют высокую физиологическую устойчивость к экстремальным условиям, высоким средством к метану (K_s 0.9-2 мкМ) и высокую скорость окисления метана (до 200 мЕд).

Вследствие неприхотливости к условиям обитания и высокой скорости окисления метана, *M. alcaliphilum* 20Z являются наилучшим кандидатом для промышленного использования.

У штамма есть плаزمиды на 128415 пар нуклеотидов. В роду присутствует еще только один вид, с плазмидой на 47177 пар нуклеотидов.

Общая длина ДНК – 4668296. Хромосома и плазмиды кольцевые.

2 МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

При составлении обзора использовалась программа Microsoft Office Excel 2007, в том числе функции работы с текстом, математические, статистические, а так же построение гистограммы с использованием Analysis ToolPak и Analysis ToolPak – VBA. Так же в работе использовались статьи о данной бактерии. Данные о геноме брались с сайта NCBI.

3 РЕЗУЛЬТАТЫ

3.1 Распределение генов

В ходе работы была составлена таблица [1], из которой следует, что обратных последовательностей больше, чем прямых.

Тип кодируемых последовательностей	прямые	обратные
РНК	33	43
Белок	1945	2035

Таблица 1

Однако если для последовательностей, кодирующих РНК разница существенна (13%), то для последовательностей кодирующих белок она составляет лишь 2,2%.

3.2 Распределение белков по длинам

По рисунку [1] видно, что длина белков в среднем лежит между 100 и 250, после чего количество идет на спад.

Максимальное количество лежит в пределах 100 – 12,41% белков имеют такую длину. В пределах 150, 200 и 250 – примерно 11,5% для каждого из значений. В сумме от 100 до 250 лежит 46,71% длин белков. Белков длиной более 100 у бактерии всего 2,66%. Максимальная длина белка у *Methylomicrobium alcaliphilum* 20Z – 3437 – белок Hemagglutinin-related – влияет на активность гидролазы. Минимальная длина – 25 - гипотетически существующий белок.

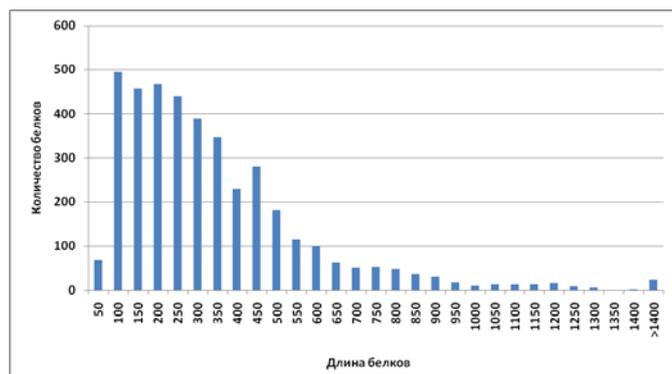


Рис. 1. Гистограмма длин белков из протеома бактерии *Methylomicrobium alcaliphilum* 20Z

4 ОБСУЖДЕНИЕ

1. Для *Methylomicrobium alcaliphilum* 20Z характерно распределение длин белков в диапазоне от 100 до 250. Медиана длин белков - 259. Для бактерии не характерны белки длиной меньше 100 аминокислот, а так же больше 1000.
2. На обратной цепи ДНК больше генов, кодирующих как белки, так и РНК.
3. В плазмиде содержится 2,7% от всей ДНК, что является вполне обычным распределением.

5 СОПРОВОДИТЕЛЬНЫЕ МАТЕРИАЛЫ

[Файл с данными по анализу плазмид](#)

[Файл с данными по анализу длин белков](#)

6 БЛАГОДАРНОСТИ

Выражаю благодарность своим преподавателям по биоинформатике, а так же своим однокурсникам, за помощь в освоении различными программными инструментами.

7 Список литературы

- 1) <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>
- 2) <http://www.genoscope.cns.fr/spip/-Methylomicrobium-alcaliphilum-20Z-.html>