

Обзор протеома бактерии *Acidithiobacillus ferrooxidans* ATCC 23270

Боровикова Ирина Ивановна

Московский государственный университет им. М. В. Ломоносова, факультет Биоинженерии и биоинформатики, 2018 г.

grib.irina@fbb.msu.ru

РЕЗЮМЕ

Целью данной работы является исследование протеома бактерии *Acidithiobacillus ferrooxidans* ATCC 23270.

Были рассмотрены основные особенности генома бактерии: установлено распределение различных генов по прямой и комплементарной цепочкам, число белок- и РНК-кодирующих генов и псевдогенов, распределение длины белков.

Ключевые слова: белок, таблица, *Acidithiobacillus ferrooxidans*, бактерия

ВВЕДЕНИЕ

Таблица 1. Систематическое положение бактерии [2]

Domain	Bacteria
Phylum	Proteobacteria
Class	Acidithiobacillia
Order	Acidithiobacillales
Family	Acidithiobacillaceae
Genus	Acidithiobacillus
Species	Acidithiobacillus ferrooxidans
Stain	Acidithiobacillus ferrooxidans ATCC 23270

Acidithiobacillus ferrooxidans – вид облигатно хемотрофных эубактерий, использующих в качестве субстрата железные и серные отложения. [4] Систематическое положение бактерии представлено в таблице 1.

Штамму присвоен первый уровень биологической безопасности (специальные условия для работы не требуются, случаи заражения человека не зарегистрированы) [2]

Имеют важное значение для биогидрометаллургии (бактериальное извлечение металлов из минералов); также представляют интерес для биоремедиации (биологическая очистка вод, грунтов, атмосферы).

Как следствие, представители вида являются частым объектом в различных исследованиях. [3], [4]

Длина генома составляет 2,982,397 пар нуклеотидов. [1]

В данной работе будут рассмотрены некоторые общие черты протеома *Acidithiobacillus ferrooxidans* ATCC 23270.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Основная часть работы велась с помощью программы Microsoft Excel (версия для macOS High Sierra). Для расчета использовались функции COUNTIF, VLOOKUP, а также

функции построения диаграмм и составления сводных таблиц.

Исходный файл был взят из базы данных NCBI:

ftp://ftp.ncbi.nlm.nih.gov/genomes/all/GCA/000/021/485/GCA_000021485.1_ASM2148v1/GCA_000021485.1_ASM2148v1_feature_table.txt.gz

РЕЗУЛЬТАТЫ

Таблица 2 показывает нам распределение генов по прямой и комплементарной цепям ДНК бактерии.

Таблица 2. Распределение по цепям

	Белки	РНК	Псевдогены
Прямая	1694	65	33
Комплементарная	1453	119	31

В таблице 3 представлены статистические данные белков рассматриваемой бактерии.

Одним из самых коротких белков является K + -транспортирующая АТФаза, F-субъединица (30 ам).

Самым длинным белком, имеющимся у данной бактерии, является аутотранспортёр наружной мембраны (предполагаемый).

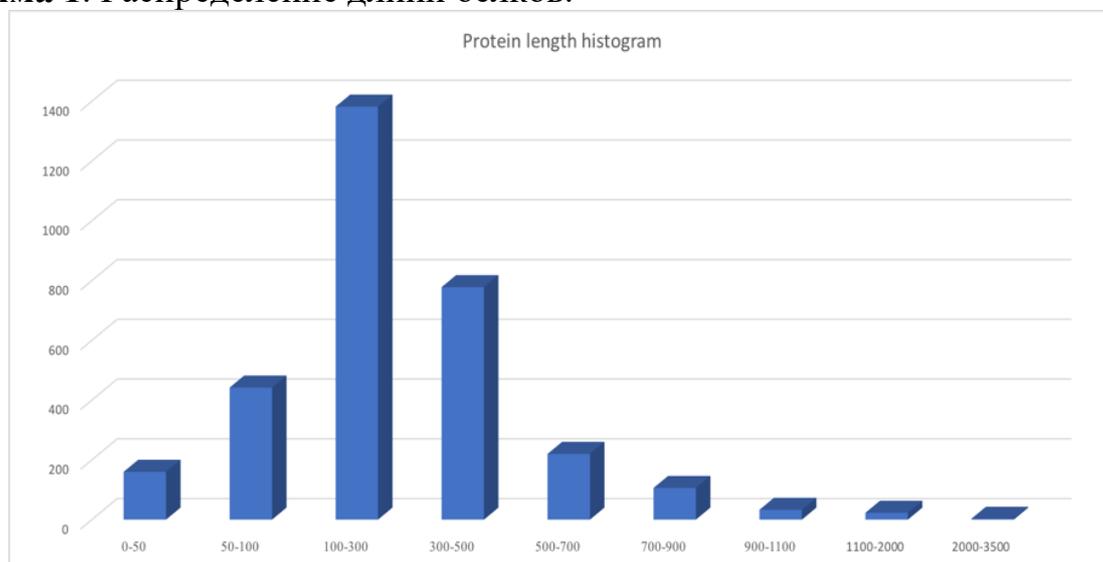
Таблица 3. Статистические данные белков

Min	30
Max	3484
Average	283
Standart deviation	226,62
Median	230

На диаграмме 1 продемонстрировано распределение длин белков с плавающим шагом.

(горизонтальная ось – диапазон, вертикальная – число белков)

Диаграмма 1. Распределение длинн белков.



В таблице 4 представлены данные о разных типах белков, представленных у данной бактерии.

Тип	Число
Ribosomal	69
Transporter (transport protein)	124
Hypothetical	1068
Other	1887

Таблица 5 демонстрирует распределение различных типов РНК между прямой и комплементарной цепочками.

Таблица 5. Распределение РНК

	Прямая	Комплементарная
ncRNA	1	2
RNase_P_RNA	0	2
rRNA	5	6
SRP_RNA	2	0
tmRNA	2	0
tRNA	54	107
tRNA_pseudogene	0	1
other	1	2

ОБСУЖДЕНИЕ И ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Исходя из данных Таблицы 2 можно сделать вывод, что на прямой цепи ДНК значительно больше белок-кодирующих генов.

На основе представленной выше диаграммы (Диаграмма 1) можно сделать вывод, что самое большое число белков приходится на диапазон от 100 до 300 (что подтверждается данными Таблицы 3) и от 300 до 500 аминокислот. Самые минимальные показатели у диапазона 2000-3500 (всего 3 белка). Данные таблицы 4 говорят нам о том, что самыми распространенными типами белков являются 'Hypothetical' и 'Other'. Это свидетельствует о том, что, несмотря на популярность штамма в качестве объекта исследований, геном *Acidithiobacillus ferrooxidans* исследован недостаточно.

Из данных таблицы 5 видно, что самым распространенным в представленном геноме типом РНК является транспортная РНК, а большая часть генов, кодирующих РНК, находится на комплементарной цепочке.

СОПРОВОДИТЕЛЬНЫЕ МАТЕРИАЛЫ

<https://kodomo.fbb.msu.ru/~grib.irina/term1/pr14.xlsx> - Excel-таблица с полученными данными.

БЛАГОДАРНОСТИ

Данковцевой Елене, за терпение.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

- [1] <https://biocyc.org/organism-summary?object=AFER243159>
- [2] <https://bacdive.dsmz.de/strain/118>
- [3] <http://www.lgcstandards-atcc.org/Products/All/23270.aspx#generalinformation>
- [4] <https://en.wikipedia.org/wiki/Acidithiobacillus>
- [5] <https://www.ncbi.nlm.nih.gov>