

# Обзор протеома бактерии *Halothiobacillus neapolitanus* c2

Косарецкий Егор Михайлович

## Резюме

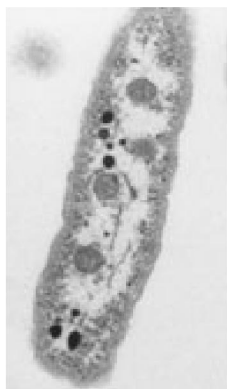
В этой работе представлен анализ генома и протеома бактерии *Halothiobacillus neapolitanus* c2 с помощью MS Office Excel. Было рассчитано количество генов РНК и белков в геноме бактерии, оценено количество генов на 1 млн. нуклеотидных пар, составлена гистограмма длин белков и таблица размера белков на прямой и обратной цепях ДНК.

## Ключевые слова

Биоинформатика, бактерия, excel, карбоксисома

## Введение

*Halothiobacillus neapolitanus* c2 – сероокисляющий хемотроф. Является модельным объектом для изучения карбоксисом (органеллы повышающие способность вывода углекислого газа из организма, посредством катализирования реакции фиксации соответствующего газа).



Из-за этой специфической органеллы бактерия играет важную роль в глобальном цикле углерода и активно изучается исследователями.<sup>(1)</sup>

Рис.1 *Halothiobacillus neapolitanus* c2

## Материалы и методы

Для получения информации о геноме бактерии мною был использован Microsoft Office Excel 2016. Геном бактерии был получен с сайта [National Center for Biotechnology Information](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/11661)

## Результаты и Обсуждение

кол-во	генов белка	генов транспортных белков	генов рибосомальных белков	генов гипотетических белков	генов остальных белков
прямая цепь	1398	40	37	191	1130
обратная цепь	1523	65	22	209	1227
Всего	2921	105	59	400	2357
кол-во	генов РНК	генов тРНК	генов рРНК	остальных РНК	псевдогенов
прямая цепь	34	29	3	2	31
обратная цепь	18	14	3	1	25
Всего	52	43	6	3	56
total nucleotides	total genes	genes per 10 <sup>6</sup> nucl			
2582729	3029	1172.79			

Таблица 1. Распределение генов по ДНК

Как видно из Таблицы 1. распределение генов по цепям ДНК хромосомы (у бактерии она одна) следующее: всего геном содержит 3029 последовательностей, кодирующих белки, из них 105 кодируют транспортные белки, 59 рибосомальные, 400 гипотетические и подавляющее большинство (2357) кодирует остальные, и 52 последовательностей, кодирующих бактериальные РНК: 43 генов тРНК, 6 генов рРНК и 3 гена других РНК. В геноме также есть 56 псевдогенов.

Несмотря на огромное количество «остальных» лишь небольшая группа из 10 полипептидов кодирует карбоксисому. Большинство «остальных» скорее всего связаны с ферментами, которые катализируют «сома».<sup>(2)</sup>



Для более наглядного представления длин последовательностей в геноме была создана *Диаграмма 1*.



*Диаграмма 1. Распределение белков по их длине*

Из нее, что подавляющее большинство белков имеет длину от 1 до 1500. Самый длинный белок – ферментативный домен (KR domain protein ) состоит из 7524 аминокислот. Этот белок участвует в катализировании первого этапа редуктивной модификации бета-карбонильных центров в растущей поликетидной цепи, другими словами играет ключевую роль в фиксации углекислого газа.<sup>(3)</sup>

Если не считать белки, которые ответственны за карбоксисому, то в остальные белки состоят менее чем из 4000 аминокислот. Огромный размер информации о «соме» может свидетельствовать о высокой развитости и приспособленности этого аппарата у рассматриваемого штамма бактерии.

## Заключение

Большой интерес, конечно, представляет карбоксисома и ее строение, которое плохо изучено (известно 2 из 10 ее полипептидов)<sup>(2)</sup>, нежели сама бактерия. Возможно дальнейшее изучение карбоксисом поможет лучше понять регуляцию углекислого газа в атмосфере.

## Сопроводительные материалы

[Excel файл с расчетами](#)

## Источники

- 1) [JGI Genome Portal](#)
- 2) [NCBI PubMed Central](#)
- 3) [NCBI](#)