

Обзор транскриптома бактерии *Xanthobacter autotrophicus* (штамм Py2)

Рюмин Константин, ФББ МГУ, 1 курс

Резюме

Данная работа посвящена изучению транскриптома бактерии *Xanthobacter autotrophicus*. Компьютерный анализ данных о транскриптоме позволяет выявить закономерности, неразличимые невооруженным взглядом. Объектом исследования было распределение длин белков и распределение генов по цепям.

1 ВВЕДЕНИЕ

Род *Xanthobacter* представлен многими видами, его представители являются грамотрицательными аэробными палочками, живущими во влажной почве и воде. Этот род отличает поразительное многообразие метаболических путей, и *Xanthobacter autotrophicus* тоже обладает этим свойством. Этот вид способен к азотофиксации, хемолитоавтотрофии, метилотрофии, метаболизму ацетона и многим другим типам питания [1]. Анализ генома такого многофункционального организма может помочь как изучению клеточного метаболизма, так и изучению биологически деградируемых материалов.

2 МЕТОДЫ

Данные о генах *Xanthobacter autotrophicus* были получены с сервера NCBI [2]. Обработка проводилась при помощи программы OpenOffice Calc. Файлы программы, при помощи которых были получены результаты можно найти в разделе «Сопроводительные материалы».

3 РЕЗУЛЬТАТЫ

Результаты можно разделить на 2 группы — результаты исследования длин белков и результаты исследования расположения генов на цепях ДНК.

3.1 Исследование распределения белков по длине.

На гистограмме ниже представлено распределение белков, закодированных на главной хромосоме *Xanthobacter autotrophicus* Py2.

Распределение белков *Xanthobacter autotrophicus* Py2 по длинам

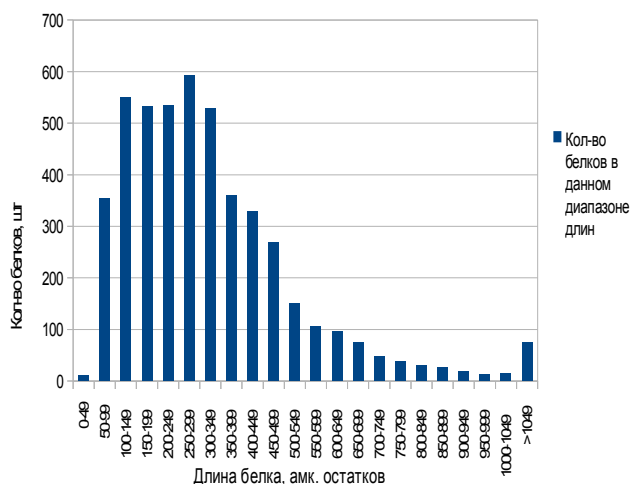


Рисунок 1. Зависимость количества белков, чьи длины лежат в заданном диапазоне, от этого диапазона.

Видно, что наибольшее количество белков лежит в диапазонах от 100 до 349 а.о.

3.2 Исследование распределения генов по цепям ДНК

Здесь в расчет брались в ом числе гены, кодирующие нетранскрибируемую РНК. Результаты представлены в таблице.

Таблица 1. Распределение генов по прямой и обратной цепям.

	Генов белков	Генов РНК
На прямой цепи	2388	37
На обратной	2417	22

Вероятность, что такое распределение возникло в результате случайного разброса генов по цепям составляет 34,3 %.

4 ОБСУЖДЕНИЕ

Как и следовало ожидать, большинство генов оказались весьма короткими — более 90% белков оказались короче 600 аминокислотных остатков. Для прокариот очень важна маленькая длина генома и они стараются по максимуму компактизовать свои гены. Отсутствие альтернативного сплайсинга приводит к тому, что бактерии имеют множество мелких генов, а не большие каскеты экзонов, с которых фактически синтезируется несколько коротких белков, а не один длинный, хотя формально это один ген. Распределение случайно довольно с большой вероятностью, и в отсутствие других объяснений на это вполне можно опереться.

5 СОПРОВОДИТЕЛЬНЫЕ МАТЕРИАЛЫ

[Ссылка на файл с подсчетами результатов.](#)

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

[1] Joint Genome Institute
<http://genome.jgi-psf.org/xanau/xanau.home.html>

[2] NCBI
<ftp://ftp.ncbi.nlm.nih.gov/genomes/Bacteria/>