

Обзор протеома бактерии *Herbaspirillum rubrisubalbicans* M1

Коркунова Елизавета¹

¹Факультет биоинженерии и биоинформатики МГУ имени М. В. Ломоносова

РЕЗЮМЕ

В данном обзоре приведены результаты исследования протеома β -протеобактерии *Herbaspirillum rubrisubalbicans* M1. В ходе работы была проведена количественная оценка числа генов белков и РНК разных категорий, а также были изучены особенности распределения длин белков и расположения кодирующих их генов на прямой и комплементарной цепи.

1 ВВЕДЕНИЕ

Таблица 1. Систематическое положение *H. rubrisubalbicans*

Домен	Prokaryota
Царство	Bacteria
Тип	Proteobacteria
Класс	Betaproteobacteria
Порядок	Burkholderiales
Семейство	Oxalobacteraceae
Род	<i>Herbaspirillum</i>
Вид	<i>H. rubrisubalbicans</i>

Herbaspirillum rubrisubalbicans - diazotрофная условно-патогенная бактерия, образующая колонии в корнях, стеблях и листьях представителей Злаковых. *H. rubrisubalbicans* является возбудителем таких болезней, как болезнь красной исчерченности у сорго (*Sorghum sp.*) и болезнь пестрой исчерченности у некоторых представителей сахарного тростника (*Saccharum sp.*). Тем не менее, у большинства растений, эндофитами которых является *H. rubrisubalbicans*, наблюдается усиленный рост и повышенная урожайность. Благодаря этой особенности в Бразилии *H. rubrisubalbicans* стали использовать в качестве инокулянта при выращивании сахарного тростника.

Геном *Herbaspirillum rubrisubalbicans* M1 представлен одной хромосомой и был полностью секвенирован^[1] в 2015 году, в Федеральном университете Параны, Бразилия.

2 МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Все необходимые для обработки и дальнейшего анализа данные были взяты с сайта Национального центра биотехнологической информации (NCBI)^[2].

Обработка проводилась с помощью сервиса Google Sheets.

Для подсчета количества генов белков и РНК использовалась функция СЧЁТЕСЛИМН(). Количество белков, относящихся к разным типам, было определено с помощью встроенного фильтра: в искомым значениях указывались названия соответствующие типы белков (transporter, ribosomal, hypothetical) При подсчете количества рибосомальных белков вручную было отобрано 11 белков, ассоциированных с рибосомальными, но таковыми не являющимися (эти белки были отнесены в категорию "другие").

3 РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЯ

3.1 РАСПРЕДЕЛЕНИЕ ДЛИН БЕЛКОВ

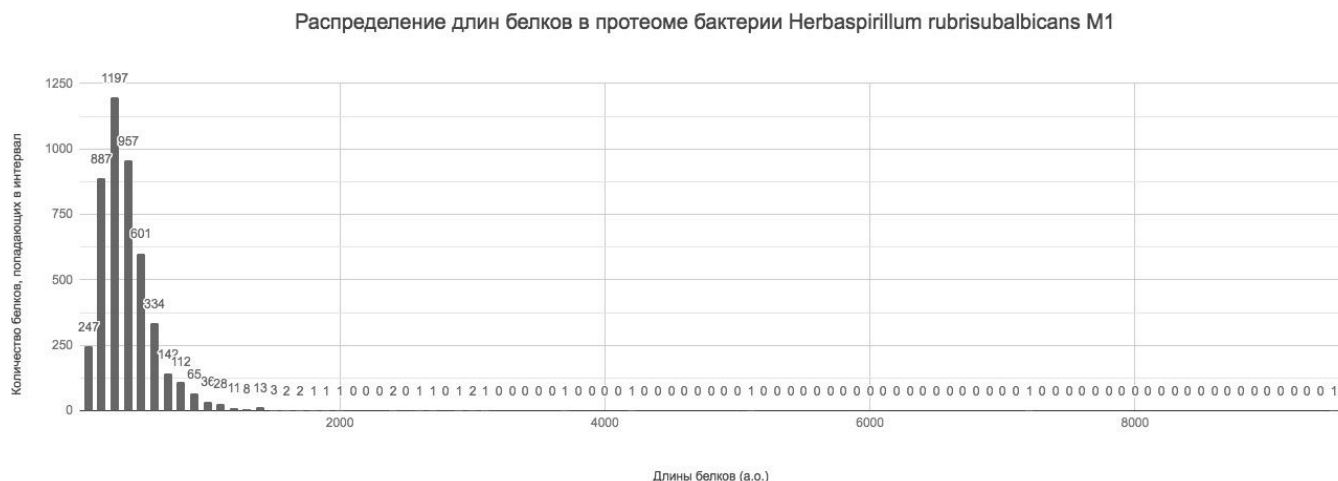
В ходе работы было установлено, что длина генома *H. rubrisubalbicans* (в парах нуклеотидов) составляет 5 611 261 п.н. Геном содержит 4661 белок-кодирующих последовательностей, статистические данные длин которых представлены в Таблице 2.

Таблица 2. Статистические данные длин белков из протеома *H. rubrisubalbicans* M1 (значения приведены в аминокислотных остатках, а. о.)

Характеристика	Значение
Минимальная длина	36
Максимальная длина	9466
Средняя длина	350.94
Медиана	300
Стандартное отклонение	302.12

Распределение длин белков в геноме отображено на Диаграмме 1. На горизонтальной оси отложены длины белков с шагом в 100 а.о., на вертикальной - количество белков такой длины.

Диаграмма 1. Распределение длин белков в протеоме бактерии *Herbaspirillum rubrisubalbicans* M1



Как можно видеть из диаграммы, большая часть генов *H. rubrisubalbicans* имеет длину от 200 до 400 аминокислотных остатков, что, впрочем, характерно для бактерий. Самый длинный ген, представленный в геноме (9466 п.н.), кодирует гипотетический белок (hypothetical protein). Существование таких белков было предсказано, однако экспериментальных доказательств того, что белок экспрессируется организме, пока не существует. Что примечательно, самый короткий ген (всего 36 п.н.) также кодирует гипотетический белок.

3.2 ФУНКЦИОНАЛЬНОЕ РАСПРЕДЕЛЕНИЕ БЕЛКОВ И РНК

Из всех белков протеома *H. rubrisubalbicans* стоит выделить три основные группы: рибосомальные, транспортные и гипотетические. Остальные, хоть и являются достаточно интересными объектами для изучения, отнесем к категории “остальные”. Таким образом, среди 50 рибосомальных белков 19 относятся к 30S субъединице и 31 - к 50S субъединице. Помимо белков, структурными и функциональными составляющими рибосом являются рибосомальные РНК, у *H. rubrisubalbicans* их 9. 57 генов кодирует транспортные РНК. Транспортные белки закодированы 148 генами. Число гипотетических белков составляет приблизительно 17% от общего числа белков бактерии. Количество РНК и белков разных типов приведено в таблице 3 и 4 соответственно.

Таблица 3. Типы РНК бактерии *H. rubrisubalbicans*

Тип	Количество
rRNA	9
tRNA	57

Таблица 4. Типы белков бактерии *H. rubrisubalbicans*

Тип	Количество
Рибосомальные	50
Транспортные	148
Гипотетические	791
Остальные	3672
Всего	4661

3.3 РАСПРЕДЕЛЕНИЕ ГЕНОВ ПО ПРЯМОЙ И ОБРАТНОЙ ЦЕПИ ДНК

В таблице 5 представлено количественное распределение генов белков и РНК, а также псевдогенов по прямой и комплементарной цепи.

Таблица 5. Распределение генов по прямой и обратной цепи

цепь	гены	псевдогены	гены рНК
+	2423	16	30
-	2238	15	36

Как видно из таблицы, количество генов, расположенных на прямой и обратной цепи, приблизительно равно, поэтому в данном случае нельзя сделать вывод о том, что кодирование происходит преимущественно на одной из цепей.

4 СОПРОВОДИТЕЛЬНЫЕ МАТЕРИАЛЫ

Таблицы и расчеты можно найти на следующей странице:
https://docs.google.com/spreadsheets/d/1d7Y1Sg-JrMbVn406LeqO_MpfYezox7JWMtj7oaTHvoU/edit?usp=sharing

5 ССЫЛКИ

[1]https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/11718?genome_assembly_id=261293
[2]ftp://ftp.ncbi.nlm.nih.gov/genomes/genbank/bacteria/Herbaspirillum_rubrisubalbicans/latest_assembly_versions/GCA_001483945.1_ASM148394v1