

Обзор протеома бактерии *Bradyrhizobium* sp.

Автор : Ульянова Екатерина

Резюме

Данная работа посвящена исследованию протеома бактерии *Bradyrhizobium* sp., штамма CCGE-LA001. В ходе обзора рассмотрены особенности длин ее белков, их количественное соотношение, а также количество генов белков и генов РНК различных типов на прямой и комплементарной цепи.

Введение

Виды рода *Bradyrhizobium* — грамотрицательные бациллы (бактерии, устойчивые к окрашиванию, для которых характерна особая внешняя мембрана, препятствующая проникновению красителя внутрь клетки. Из-за своей более мощной и непроницаемой клеточной стенки грамотрицательные бактерии более устойчивы к антителам, чем, например, грамположительные) с единственным полярным или субполярным жгутиком.

Это обычные почвенные организмы, способные вступать в симбиотические отношения с бобовыми. Как и прочие клубеньковые бактерии, они способны фиксировать атмосферный азот в доступной для других организмов форме.

В жидкой среде видам *Bradyrhizobium* требуется от 3 до 5 дней, чтобы вызвать значительное помутнение среды, и 6-8 часов, чтобы удвоить свою популяцию. Лучше всего они растут на среде с пентозами в качестве источника углерода. [1]

Материалы и методы

Данные о протеоме бактерии были взяты с сайта NCBI [2]. Для анализа данных была использована программа Microsoft Office Excel 2007.

Взятая с сайта NCBI таблица была помещена в Excel, и далее была создана другая таблица, отображающая количество белков с длинами в разных диапазонах.

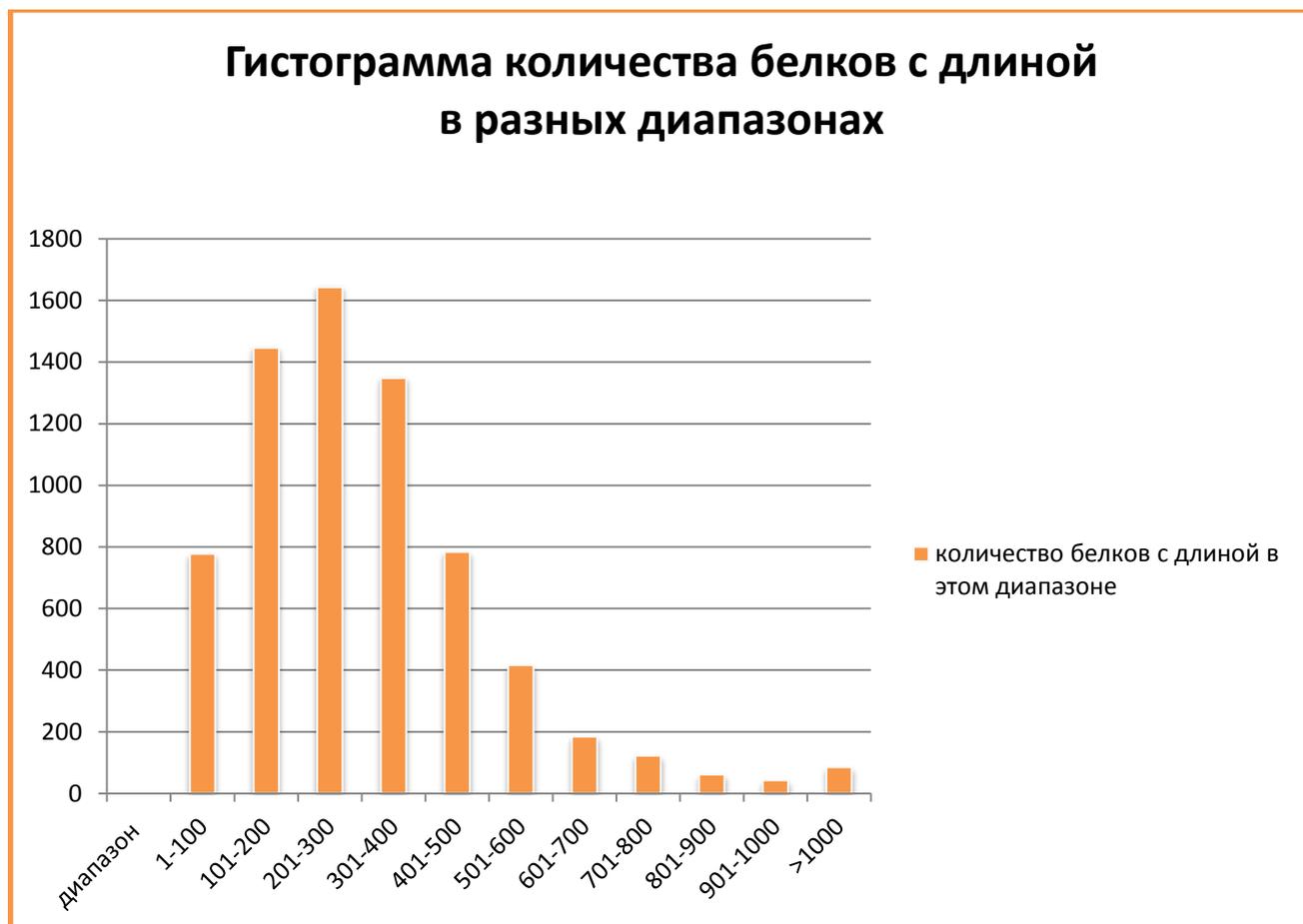
Следующим шагом было создание таблиц, помогающих проводить дальнейший анализ. С помощью фильтра данных для изначального файла данные были распределены в две таблицы, содержащие информацию о генах, которые были закодированы на прямой или обратной цепи. Далее были созданы дополнительные колонки в этой же таблице для отдельных видов РНК (транспортной, рибосомальной и др.) на прямой и обратной цепи, а также была создана строка, содержащая в себе числа на прямой и обратной цепи вместе. Также была составлена таблица для примерного подсчета числа генов на 1 миллион пар нуклеотидов.

Результаты

Анализ протеома бактерии

В геноме бактерии *Bradyrhizobium* sp. CCGE-LA001 всего закодировано 6907 белков. По гистограмме видно, что наибольшее количество генов белков с длиной в диапазоне 200-300 .

Гистограмма количества генов белков с длиной в разных диапазонах



Анализ генома бактерии

Таблица 1. Число генов белков и генов РНК на прямой, комплементарной цепях и их количества в целом .

	число генов белков	число генов РНК
На прямой цепи	3519	33
На комплементарной цепи	3504	21
Количество в целом	7023	54

Таблица 2. Число генов рибосомальной, транспортной, транспортно-матричной и некодирующей РНК на прямой, комплементарной цепях и их общее количество вместе.

	число генов rRNA	число генов tRNA	число генов tmRNA	число генов ncRNA
На прямой цепи	3	29	0	1
На комплементарной цепи	0	18	1	2
Количество в целом	3	47	1	3

Таблица 3. Примерная оценка числа генов на 1 миллион пар нуклеотидов

	обычное значение	в пересчете на миллион
Размер генома (в парах нуклеотидов)	7 833 499	7,833499
Количество генов бактерии	7077	903,427702

Обсуждение и Результаты

Был проанализирован геном и протеом бактерии *Bradyrhizobium* sp. В геноме содержится 7 833 499 пар нуклеотидов[3]. Количество генов бактерии – 7077. При пересчете генов бактерии на 1 миллион пар нуклеотидов получается примерно 903 гена. Можно заметить, что у бактерии количество генов (как белков, так и РНК) на прямой и обратной цепях несильно отличается, и по этим данным можно предположить, что гены длин белков распределены независимо. Так же по полученным данным можно заметить, что количество коротких белков больше количества длинных белков, что и характерно для прокариот.

Сопроводительные материалы

<http://kodomofbb.msu.ru/~ulianovakatua/pr13.xlsx>

Ссылки:

[1] Информация о бактерии в Википедии : <https://ru.wikipedia.org/wiki/Bradyrhizobium>

[2] Сайт NCBI : <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome>

[3] Дополнительная информация о бактерии *Bradyrhizobium* sp. : <http://kodomofbb.msu.ru/~ulianovakatua/pr6.html>

Благодарности

Хочу выразить благодарность своим преподавателям по практической биоинформатике и своим однокурсникам (Уголькову Ярославу, Бартыш Екатерине, Кочневой Валерии и Омарову Мураду) , которые неоднократно помогли мне в освоении Excel.