

Обзор генома и протеома бактерии *Chromobacterium violaceum* ATCC 12472

Якушев Александр

Факультет Биоинженерии и биоинформатики, Московский Государственный Университет им. Ломоносова, Ленинские горы 1-73, Москва, Россия

Колонтитул: *Обзор протеома Chromobacterium violaceum*

Ключевые слова: *Chromobacterium violaceum*, виолацеин, хромобактерии, биоинформатика,

Резюме

Данная работа посвящена исследованию транскриптома, поиску закономерностей в длинах белков и распределении генов по цепям, а также обнаружению аномального количества тРНК у бактерии *Chromobacterium violaceum*.

Введение

Chromobacterium violaceum (Фиолетовая хромобактерия) – вид бактерий из семейства Neisseriaceae. Это грамотрицательная, факультативно-анаэробная, неспорообразующая коккобацилла. Подвижность обеспечивается единственным жгутиком, расположенным на полюсе. Иногда присутствуют один или два боковых жгутика. Она является свободноживущим организмом, населяет почву и водоемы в тропических районах(1). Она является продуцентом виолацеина – бис-индольного

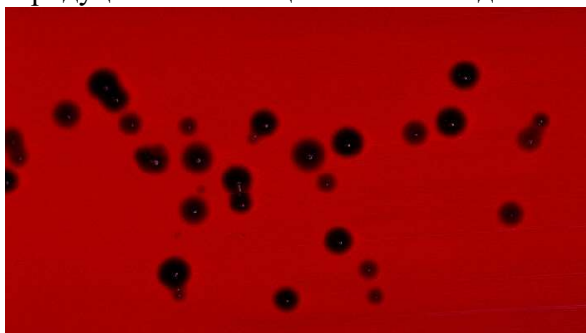


Рисунок 1: Колонии *Chromobacterium violaceum* на кровяном агаре

пигмента, с антибиотической активностью(2)

Фиолетовая хромобактерия редко заражает людей, но когда это происходит, она вызывает поражения кожи, сепсис и абсцессы печени, которые могут быть фатальными. Первый описанный в литературе случай заболевания человеком произошёл в Малайзии в 1927 году(3). С тех пор в литературе были зарегистрированы только 150 случаев(4). Из-за того, что данная бактерия является условно-патогенной, она требует изучения. Это позволит узнать больше о причинах патогенности других бактерий.

Материалы и методы

Геном был скачан с сайта NCBI из банка RefSeq.

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/genomes/1117>

Для анализа данных была использована программа Microsoft Excel 2007. В ней были построены графики и гистограммы, составлены сводные таблицы, а также проведен статистический анализ (были использованы функции МИН, МАКС, СРЗНАЧ, СТАНДОТКЛ, МЕДИАНА, БИНОМРАСП).

Результаты и обсуждение

Статистика длин белков

Длины белков *Chromobacterium violaceum* лежат в диапазоне 29 – 3554 а.о. Самый короткий белок – F-субъединица АТФ-зависимого транспортера ионов калия, самый длинный – синтетаза нерибосомальных пептидов. Средняя длина равна 324 а.о., медиана – 274 а.о. Это говорит о том, что пик длин приходится на 250-350 а.о.

Среднеквадратичное отклонение длин довольно большое. Следовательно на распределении не будет острого пика, а будет плавный подъем и спуск. Эти предположения подтверждает гистограмма длин белков (Рисунок 2).



Рисунок 2: Диаграмма длин белков

Распределение белков и РНК по количеству

Данные распределения представлены в Таблице 1. Из этого распределения видно, что генов белков у бактерии 4245, псевдогенов – 65, а генов, кодирующих РНК – 128, При этом генов тРНК целых 98. Это очень удивительно, ведь часто у бактерий бывает около 20 тРНК. Подробнее изучив этот вопрос было выяснено, что тРНК с одинаковыми и повторяющимися антикодонами собраны близко друг к другу и находятся на одной цепи. Можно сделать предположение, что они несколько раз дублировались.

Тип продукта	Количество
protein_coding	4245
pseudogene	65
RNase_P_RNA	2
rRNA	25
SRP_RNA	2
tmRNA	1
tRNA	98

Таблица 1: распределение различных генов белков и РНК

Распределение кодирующих последовательностей по цепям

Проанализировав распределение кодирующих последовательностей по цепям, было установлено, что вероятность случайного распределения для каждого типа продуктов выше 90%.

	Белки	Псевдогены	РНК
Прямая	2026	27	71
Обратная	2219	38	57

Таблица 2: распределение различных генов белков и РНК по цепям

Сопроводительные материалы

<https://kodomo.fbb.msu.ru/~yakushev.alex/term1/pr12.html>

Список литературы

1. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3657989/>
2. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/27288924>
3. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/15654137>
4. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3657989/>