

Полный геном нового штамма актиномицета *Kocuria carniphila* 988**Научный руководитель – Журина Марина Владимировна*****Плешко Елизавета Михайловна****Студент (специалист)*

Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Факультет биоинженерии и биоинформатики, Москва, Россия

E-mail: lizapleshko@yandex.ru

Бактерии из рода *Kocuria* распространены повсеместно. Они имеют биотехнологический потенциал в связи с высокой устойчивостью к воздействию различных стрессовых факторов, но на данный момент они плохо изучены. Был выделен новый штамм *Kocuria carniphila* 988 из биопленки с колеса транспортной тележки на мясоперерабатывающем производстве. Этот штамм показал высокую устойчивость к различным факторам окружающей среды и нескольким антибиотикам. Мы собрали и проаннотировали его геном.

ДНК *Kocuria carniphila* 988 выделена с помощью Magen HiPure Bacterial DNA Kit согласно протоколу и секвенирована при поддержке компании CeGaT GmbH. Далее с помощью программы trimmomatic [3] с концов чтений были удалены нуклеотиды с качеством ниже 20, после чего были отфильтрованы чтения длиной менее 50 нуклеотидов. Геном был собран с помощью программы SPAdes [2] и проаннотирован с помощью сервера RAST [1].

Собранный геном имеет следующие характеристики: длина: 3.720.398 пар оснований, N50 - 94997, L50 - 7, среднее покрытие - 732. Был получен один скэффолд с выбивающимся покрытием 11714. Поиск с помощью BLASTN показал, что он содержит участок, гомологичный криптоическим плазмидам rKPAL2 и rKPAL1, выделенных из *Kocuria palustris* IPUFS-1 [4]. Мы предполагаем, что он также является плазмидой. Скэффолд содержит 3 открытые рамки считывания, которые могут быть генами. Одна из них является геном белка, обеспечивающего репликацию, другая гомологична гену гипотетического белка бактерии *Rathayibacter toxicus*. Для третьей blast не выдает ни одного совпадения. Пока невозможно сделать выводы о том, выполняет ли обнаруженная последовательность какую-то полезную функцию или является криптоической плазмидой.

Источники и литература

- 1) 1. Aziz R. K. et al. The RAST Server: rapid annotations using subsystems technology // BMC genomics. – 2008. – Т. 9. – №. 1. – С. 1-15.
- 2) 2. Bankevich A. et al. SPAdes: a new genome assembly algorithm and its applications to single-cell sequencing // Journal of computational biology. – 2012. – Т. 19. – №. 5. – С. 455-477.
- 3) 3. Bolger A. M., Lohse M., Usadel B. Trimmomatic: a flexible trimmer for Illumina sequence data // Bioinformatics. – 2014. – Т. 30. – №. 15. – С. 2114-2120.
- 4) 4. Toda H. et al. Characterization of two cryptic plasmids from *Kocuria palustris* IPUFS-1 and construction of novel *Escherichia coli*-*Kocuria* shuttle vector for biocatalysis // Journal of bioscience and bioengineering. – 2017. – Т. 124. – №. 3. – С. 255-262.