

Геномное секвенирование

2016 ING

СЕКВЕНИРОВАНИЕ DE NOVO ГЕНОМА ЦИАНОБАКТЕРИИ SYNANOBACTERIUM SPP. С УНИКАЛЬНЫМ ЖИРНО-КИСЛОТНЫМ СОСТАВОМ

А.Ю. Стариков, Ф.К. Сарсекева, А.А. Усербоева, Б.К. Зоядан, К.С. Миронов,
Р.А. Сидоров, А.Ю. Козлова, Е.В. Куртиянова, М.А. Синетова, Д.А. Лось
Институт физиологии растений им. К.А. Тимирязева РАН, Москва
Казахский национальный университет им. аль-Фараби, Алматы
e-mail: starikovay1393@gmail.com

Цианобактерии представляют интерес для биотехнологии как один из потенциальных источников для получения CO₂-нейтрального биотоплива. Объект проведённой работы – цианобактерия, изолированная из озера Балхаш (Казахстан) и депонированная как *Synanobacterium* sp. IRPAS B-1200 (на основании филогенетического анализа 16S рРНК). Данный штамм способен быстро расти в широком диапазоне температур (24-39°C), что говорит о высоком адаптивном потенциале клеток. Часто в основе этого лежит способность к быстрому изменению ненасыщенности жирных кислот (ЖК) липидов мембран. Анализ ЖК-состава суммарных липидов клеток *Synanobacterium* с помощью ГЖХ-МС выявил высокое содержание миристиновой (14:0) и миристоолеиновой кислот (Δ9-14:1) (30% и 10% от суммы ЖК соотв.), что является редкостью для цианобактерий. Мы секвенировали *de novo* геном данного штамма на платформе Ion PGM (с реактивами Hi-Q). Геномную библиотеку готовили с помощью Ion Xpress Plus Fragment Library Kit. Ассемблер SPAdes 3.1.0 был использован для последующей сборки генома. Его расчётный размер составил 3 394 т.п.о., количество контигов – 119, N50 = 71 443, доля ГЦ-оснований в геноме – 37,7% (по данным Quast 3.0). Поиск открытых рамок считывания, а также их трансляцию *in silico* проводили в программе Geneious R7. По наличию консервативных доменов был найден фермент, претендующий на роль ацил-липидной десатуразы (*DesC*) *Synanobacterium*. Мы предположили, что он ответственен за десатурирование остатков ЖК липидов данной цианобактерии. Эксперимент по гетерологичной экспрессии *DesC* показал, что при наличии субстрата, клетки *E. coli* нарабатывали соответствующие ЖК. Это является доказательством функциональной роли изучаемой десатуразы в клетках *Synanobacterium* sp. IRPAS B-1200. Работа поддержана грантом РНФ № 14-24-00020.

СБОРНИК ТЕЗИСОВ

4-й Всероссийской научно-практической конференции
по геномному секвенированию

19 мая 2016 года
Москва