

# Определение геномной последовательности штамма *Pseudomonas putida* AK5

Соколов С.Л., Измалкова Т.Ю., Сазонова О.И., Ветрова А.А.

ФИЦ «Пушинский научный центр биологических исследований РАН»,  
Институт биохимии и физиологии микроорганизмов им. Г.К. Скрыбина РАН,  
SLS@ibpm.pushchino.ru

Штамм *Pseudomonas putida* AK5 был выделен из образцов нефтешламов предприятия «Нижекамскнефтехим», он характеризуется способностью утилизировать нафталин через салицилат и гентизат. Было установлено наличие в этом штамме неконъюгативной плазмиды биодegradации рAK5 группы несовместимости P-7, на которой расположены «классический» *nah1*-оперон, контролирующий конверсию нафталина в салицилат и *sgp*-оперон, контролирующий превращение салицилата в гентизат. Дальнейший метаболизм гентизата до интермедиатов цикла Кребса у *P. putida* AK5 обеспечивается участием как плазмидных, так и хромосомных генов. Строение базового репликона плазмиды рAK5 на 99.9% идентично строению базового репликона IncP-7 плазмиды рND6-1 из штамма *P. putida* ND6, выделенного в Китае из промышленных сточных вод и, как и *P. putida* AK5, способного к деградации полициклических ароматических углеводов.

Для определения геномной последовательности штамма *P. putida* AK5 из геномной ДНК была приготовлена библиотека для секвенирования по методологии single end reads на приборе Illumina HiSeq 2x100. Полученный набор ридов при помощи ассемблера Unicycler [1] был преобразован в набор из 154 контигов (N50=134,947, L50=14). В качестве референсного генома был выбран геном *P. putida* F1 (GenBank асс. по. NC\_009512.1). Используя метод алгебраических перестановок, из набора контигов был получен геномный скаффолд. Предположительный размер генома штамма *P. putida* AK5 – 6057.7 т.п.н., из которых 5922.9 т.п.н. приходится на хромосому и 134.8 т.п.н. – на плазмиду рAK5.

Проведено предварительное аннотирование генома *P. putida* AK5 при помощи RAST tool kit (RASTtk) [2]. Геном содержит 5736 белок-кодирующих последовательностей (CDS), 51 ген тРНК и 3 гена рибосомальных РНК (рРНК). Среднее значение G+C у генома *P. putida* AK5 равно 61.59%, что согласуется с известными данными для вида *P. putida*. Из аннотированных 5736 белок-кодирующих последовательностей 4549 имеют определенное функциональное значение, а 1187 CDS относятся к гипотетическим белкам, чья функциональная роль требует более детального изучения.

## Литература

1. Wick, Ryan R. and Judd, Louise M. and Gorrie, Claire L. and Holt, Kathryn E. (2016). Unicycler: resolving bacterial genome assemblies from short and long sequencing reads. [doi:10.1101/096412]
2. Brettin T, Davis JJ, Disz T, Edwards RA, Gerdes S, Olsen GJ, Olson R, Overbeek R, Parrello B, Pusch GD, et al. (2015). RASTtk: a modular and extensible implementation of the RAST algorithm for building custom annotation pipelines and annotating batches of genomes. Sci Rep 5:8365.