

Результаты полногеномного de novo секвенирования и аннотации бактерий вида *L.innocua*, выделенных из пищевых продуктов

Научный руководитель – Рогачева Елизавета Владимировна

Терехова Марина Игоревна

Студент (магистр)

Санкт-Петербургский национальный исследовательский университет информационных технологий, механики и оптики, Санкт-Петербург, Россия

E-mail: n.mim@mail.ru

Листерия - это широко распространенное инфекционное заболевание, которое характеризуется полиморфизмом клинических проявлений, сложностью диагностики, высокой летальностью и отсутствием специфической профилактики. Исследованиями микробиологов доказано, что род *Listeria* плохо растет даже на питательных средах, которые считаются для этого возбудителя наилучшими. Единичные исследования, выполненные на отдельных территориях, не дают полной картины о характеристике циркулирующих штаммов *Listeria* spp, их патогенности и отношении к антибиотикам, используемых в терапии листериоза. Вид *Listeria innocua* распространен повсеместно в окружающей среде, что способствует обмену генетической информацией между видами и появлению штаммов с атипичными свойствами.

Цель работы: сборка и аннотация геномов de novo для идентификации генов вирулентности и антибиотикорезистентности в штаммах *L.innocua*, выделенных из пищевых продуктов (полуфабрикатное мясо и курица) в Санкт-Петербурге и Ленинградской области.

Материалы и методы: полногеномное секвенирование 12 геномов идентифицируемых бактерий проводили на автоматическом секвенаторе Illumina в режиме парно-концевого прочтения. Сборка de novo производилась на основе программы Unicycler v0.4.8. Поиск гомологичных нуклеотидных последовательностей для оценки видовой принадлежности осуществляли с помощью базового локального выравнивания BLAST. Аннотация собранных геномов производилась с использованием пайплайна The RAST (Aziz et al. 2008) и программы Prokka 1.14.5. Полученные файлы были входными данными для проведения пайплайна пангеномного анализа Roary (Page et al. 2015). Опероны были предсказаны на основе веб сервера Operon-mapper (Taboada et al., 2010). Мультилокусное сиквенс-типирование проводилось с использованием базы данных Institut Pasteur MLST.

Результаты: В среднем количество собранных контигов составило 15, показатель метрики N50 - 981787. Установленный размер генома в среднем составил 2882092 пар нуклеотидов. Аннотацией The RAST суммарно было предсказано 35934 генов, при помощи программы Prokka - 34930 генов, соответствующих суммарно 16259 оперонам. Типирование на основе мультилокусных последовательностей выявило 340 предполагаемых вирулентных генов. Количество найденных генов, отвечающих за антибиотикорезистентность составило 144. Универсальный геном составил 2399 генов, вариабельный - 1101 ген.

Выводы: Таким образом, полученные данные подтверждают наличие активного горизонтального переноса генов в идентифицируемых бактериях, что может приводить к возникновению новых атипичных штаммов и диктует необходимость дальнейшего более глубокого изучения микроорганизмов данного вида.

Выражаем благодарность за помощь в выполнении настоящей работы Деревянченко И. А., сотруднику филиала ФБУЗ «Центр гигиены и эпидемиологии в городе Санкт-Петербург», а также д.м.н., зав. лабораторией медицинской бактериологии Санкт-Петербургского НИИ эпидемиологии и микробиологии им. Пастера, Краевой Л. А.