№3 (34), 2020

УДК 579.25

ПОЛНОГЕНОМНОЕ СЕКВЕНИРОВАНИЕ И БИОИНФОРМАТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ ИЗОЛЯТОВ PASTEURELLA MULTOCIDA

А.О. Амиргазин, К.К. Муканов, М.А. Куйбагаров, Т.Б. Карибаев, Е.М. Раманкулов, А.Б. Шевцов

РГП на ПХВ «Национальный центр биотехнологии», Нур-Султан, Казахстан

В Казахстане пастереллёз является эндемичной инфекцией, со спорадическими случаями среди домашних животных и пандемическими вспышками среди популяций сайги. Целью данной работы было изучить генотипы Р. multocida приводящие к острой геморрагической септицемии домашних животных.

В работе были использованы три изолята Р. multocida депонированные в коллекции РГП на ПХВ «Национальный референтный центр по ветеринарии» КВКиН МСХ РК. Изоляты Р-mult-5-КZ, Р-mult-15-КZ и Р-mult-10-КZ были выделены в 2006, 2015 и 2013 годах, в Костанайской, Алматинской и Восточно-Казахстанской областях, из патологического материала двух лошадей и КРС, соответственно. ДНК выделяли с использованием набора «QIAamp DNA Mini Kit» QIAGEN (США). Приготовление библиотек ДНК осуществлялось с использованием набора Nextera XT DNA Library Prep Kit, согласно инструкции производителя. Секвенирование проводилось с использованием Reagent Kit v3 (600-циклов) на платформе MiSeq. Контроль качества полученных прочтений оценивалось в программе FastQC v0.11.9, с последующей обрезкой от низкокачественных данных используя плагин BBDuk trimmer v1.0 до значений Q30. Полученные прочтения были собраны de novo используя Skesa v2.3.0 [1]. Идентификация капсульных и липополисахаридных локусов проводилось сравнением в BLAST+ v2.9.0 и подтверждено мультиплексной ПЦР [2, 3]. Идентификация сиквенс типов было проведено на ресурсе PubMLST [4]. Аннотирование геномов проводилось с использованием вебсервиса RASTtk [5]. Все упомянутые программы использовались со стандартными настройками.

Характеристики сборки и аннотирования секвенированных геномов представлены в таблице 1. Согласно результатам генотипирования все изоляты имеют генотип B:L2:multihost ST64, что согласуется с данными описанными ранее в работе Орынбаева с соавторами [6]. Поэтому можно судить о том, что для территории Казахстана характерен именно данный генотип. Интересным также является то, что оба штамма выделенные от лошади (ранее не доступные) проявляют сходство в длине генома и количестве генов, несмотря на дальнее географическое расположение и год выделения. Полногеномные данные были депонированы в базу данных NCBI под номерами: JAAILE0000000000, JAAILE0000000000 и JAAILE00000000000.

TD ~	1 37	~	
Гаршица	I — Характеристики	соопки и аппотивования	секвенированных геномов.
т аолина .		COODER II allifol hooballing	i cerbennoobannbix i chomob.

Изолят	Кол-во прочтений	Размер генома (bp)	Кол-во контигов	Средняя глубина	N ₅₀	GC (%)	Кол-во генов (CDCs)
P-mult-5-KZ	318693	2,256,412	29	32.69	237,868	40.28	2141
P-mult-10-KZ	365028	2,300,365	30	37.18	382,962	40.25	2203
P-mult-15-KZ	225053	2,255,675	28	25.81	220,435	40.29	2142

Данная работа финансировалась грантом № AP05133053 Министерства образования и науки Республики Казахстан.

ЛИТЕРАТУРА

- 1 Souvorov A., Agarwala R., Lipman D.J. SKESA: strategic k-mer extension for scrupulous assemblies //Genome biology. -2018. T. 19. N. 1. C. 153.
- 2 Townsend K.M. et al. Genetic organization of Pasteurella multocida cap loci and development of a multiplex capsular PCR typing system //Journal of Clinical Microbiology. -2001.-T.39.-N₂. 3. -C.924-929.
- 3 Harper M. et al. Development of a rapid multiplex PCR assay to genotype Pasteurella multocida strains by use of the lipopolysaccharide outer core biosynthesis locus //Journal of Clinical Microbiology. − 2015. − T. 53. − № 2. − C. 477–485.
- 4 Pasteurella multocida multihost multilocus sequence type (MLST) database [Электронный ресурс]. URL: http://pubmlst.org/pmultocida/multihost/introduction.shtml.
- 5 Brettin T. et al. RASTtk: a modular and extensible implementation of the RAST algorithm for building custom annotation pipelines and annotating batches of genomes //Scientific reports. 2015. T. 5. C. 8365.
- 6 Orynbayev M. et al. Biological characterization of Pasteurella multocida present in the Saiga population //BMC microbiology. −2019. − T. 19. − №. 1. − C. 37.