

**Представленность штаммов холодолюбивой археи в микробиоме
антарктического Глубокого озера**

Научный руководитель – Спирин Сергей Александрович

Никитин Иннокентий Дмитриевич

Студент (специалист)

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

E-mail: nikitinkesha94@gmail.com

Микробиом антарктического Глубокого озера (Antarctic Deep Lake) имеет малое биологическое разнообразие и высокий уровень горизонтального переноса генов [1]. Одним из трех доминирующих прокариотических видов в сообществе является архея *Haloquadratum walsbyi*.

Целью настоящей работы является анализ нескольких метагеномов Глубокого озера для выявления представленности штаммов *H. walsbyi* в этом микробиоме, их сезонной динамики, а также горизонтально переносимых генов, являющихся общими для всего микробиома. Для работы были выбраны два метагенома Deep Lake: летний (декабрь 2006) и зимний (июнь 2014).

Были подсчитаны покрытия всех генов *H. walsbyi* ATCC 49239 прочтениями обоих метагеномов. Проверено наличие этих генов в других штаммах с известными полными геномами (DL18 и HLS1). Эти данные были сопоставлены с копийностью генов в пределах генома.

Выявлено различие покрытия генов прочтениями между тремя хромосомами. Для многих генов обнаружено нетипичное (отличное от генов домашнего хозяйства) соотношение покрытий между двумя метагеномами.

В дальнейшем предполагается анализ полученных данных для оценки репертуара штаммов *H. walsbyi* в микробиоме и их относительного обилия в двух метагеномах. Работа поддержана грантом РФФИ номер 21-14-00135

Источники и литература

- 1 - DeMaere M. Z. et al. High level of intergenera gene exchange shapes the evolution of haloarchaea in an isolated Antarctic lake //Proceedings of the National Academy of Sciences. – 2013. – Т. 110. – №. 42. – С. 16939-16944.