

**BIN-09**

**Séquençage du génome de la souche *Tsukamurella* sp. 1534 et mise en évidence du bactériophage TPA4**

**Oulmi L.,** Boulahrouf A. et Kitouni M.

*Laboratoire de Génie-Microbiologique et Applications, Faculté S.N.V. Université Frères Mentouri*

*Constantine1*

[oulmilamia@yahoo.fr](mailto:oulmilamia@yahoo.fr)

**Résumé**

La souche *Tsukamurella* sp.1534 a été isolée à partir d'un crachat d'une malade adulte admise au service de pneumologie. Il s'agit d'une bactérie actinomycétale appartenant à la famille Tsukamurellaceae et au genre *Tsukamurella*. Le projet de séquençage du génome de la souche *Tsukamurella* sp. 1534 est enregistré sous le numéro d'accèsion PRJEB87. La technologie utilisée pour le séquençage du génome de la souche est celle de 454 Roche. L'extraction de l'ADN a été réalisée selon un protocole en trois étapes en utilisant la protéinase K et le kit QIAmp (Qiagen). Le dosage de la concentration de l'ADN double brin a été réalisé par la spectrofluorimétrie avec le PicoGreen comme réactif. La préparation des banques d'ADNs a été effectuée selon deux méthodes : la méthode par séquençage aléatoire globale « *shotgun* » et la technique *3Kb paired-end*. Les banques de fragments sont amplifiées par emPCR en utilisant le kit GS Titanium. L'amplification clonale des molécules d'ADN simple brin obtenus des deux banques a généré 482748 microbilles. Après amplification, le séquençage de nombreux clones a été effectué par *GS FLX pyrosequencer*. L'analyse informatique des images acquises par le logiciel GS Run Browser, a enregistré des signaux correspondant à 168,2 Mégabase. L'assemblage final a permis d'obtenir 42 contigs de taille très satisfaisante organisés en quatre *scaffolds*. La taille du génome obtenue est de 4503402 pb avec un coefficient de chargaff de 71,1 %. La carte génomique de la souche *Tsukamurella* sp. 1534 a été établie par le logiciel CL genomics. D'autre part, le séquençage du génome a dévoilé la présence d'un élément génétique d'environ 49,4 kb avec un pourcentage de G+C égale à 70%. La présence du bactériophage nommé TPA4 est confirmée par microscopie électronique à transmission. Il a une structure complexe, une capsid polyédrale d'environ 58 nm et une queue d'environ 194 nm.

**Mots-clés :** PRJEB87, Technologie 454 Roche, *Shotgun*, *3Kb paired-end*, *Tsukamurella* sp. 1534.