

**GENOME SEQUENCING OF THREE
VIBRIOPHAGES CAPABLE OF CONTROLLING
PATHOGENIC VIBRIO BACTERIA IN
AQUACULTURE**

**ASSOC. PROF. DR. JULIAN RANSANGAN
(PROJECT LEADER)**

PERPUSTAKAAN
UNIVERSITI MALAYSIA SABAH

**FINAL REPORT
SBK0110-STWN-2013**

**BORNEO MARINE RESEARCH INSTITUTE
UNIVERSITI MALAYSIA SABAH
2015**



UMS
UNIVERSITI MALAYSIA SABAH

ABSTRACT

This study was conducted to analyze the complete genome sequence of two Vibriophages designated as VALLPKK3 and VPLPKK5. The Vibriophages VALLPKK3 and VPLPKK5 have been shown to infect *Vibrio alginolyticus* and *Vibrio parahaemolyticus*, respectively. The analysis was achieved using various bioinformatics tools. The result revealed that the Vibriophage designated as VALLPKK3 was identified belonging to the T4-like *Myoviridae*. The VPLPKK5, however, was a novel *Siphoviridae*. The genome size of the VALLPKK3 was estimated at 248,088 bp with G+C content of 41.2%. It has about 390 open reading frames (orf) and the predicted coding sequences (cds) represented 92.4 % of the genome. Meanwhile, the genome size of the VALLPKK5 was estimated to be at 56,637 bp with G+C content of 51.3%. The genome annotation revealed that the phage has about 80 open reading frames (orf) and the predicted coding sequences (cds) shown to represent 90.7 % of its genome. All predicted coding sequences (cds) with known functions for both genomes were annotated as functional proteins for bacteriophage replication. The gene analysis revealed the absence of lysogeny related proteins in both phages. Although toxin search revealed the presence of a cds resembled to pilin gene in both genomes, it was difficult to verify at this stage that the phages harbored virulence factor because the gene could be used by the phages during host attachment and penetration. Interestingly, the genome of Vibriophage VPLPKK5 is filled with new genes. It is predicted that Vibriophage VPLPKK5 is likely to be a new member in the family of *Siphoviridae*. The findings of the present study could lead to a discovery of effective phages against fish bacterial pathogens via bacteriophage therapy in the future.



ABSTRACT

Kajian ini dijalankan bagi menganalisa jujukan genom lengkap bagi dua jenis Vibrio faj iaitu VALLPKK3 and VPLPKK5. Vibrio faj VALLPKK3 dan VPLPKK5 masing-masing didapati boleh menjangkiti *Vibrio alginolyticus* dan *Vibrio parahaemolyticus*. Analisa jujukan genom lengkap bagi kedua-dua Vibrio faj tersebut telah berjaya dilakukan menggunakan berbagai perkakasan bioinformatik. Keputusan kajian menunjukkan bahawa Vibrio faj VALLPKK3 dikenalpasti sebagai ahli kepada keluarga T4-like *Myoviridae*. Manakala Vibrio faj VPLPKK5 pula merupakan ahli baru kepada keluarga *Siphoviridae*. Saiz genom bagi Vibrio faj VALLPKK3 adalah dianggarkan sepanjang 248,088 bp dengan peratusan kandungan G+C sekitar 41.2%. Vibrio faj VALLPKK3 didapati mempunyai lebih kurang 390 open reading frames di mana 92.4% daripadanya merupakan jujukan pengkodan lengkap (cds). Saiz genome bagi Vibrio faj VPLPKK5 pula dianggarkan sekitar 56,637 bp dengan kandungan G+C sebanyak 51.3%. Anotasi genom mendapati bahawa Vibrio faj VPLPKK5 mengandungi sekitar 80 bingkai bacaan terbuka (orf) dan jujukan pengkodan lengkap (cds) dianggarkan mewakili 90.7 % dari keseluruhan genom. Semua jujukan pengkodan lengkap dengan fungsi yang diketahui bagi kedua-dua Vibrio faj telah dianotasi sebagai protein berfungsi semasa replikasi bacteriofaj tersebut. Analisa gen juga mendedahkan bahawa tiada protein berkaitan lysogeny dijumpai di kedua-dua faj yang dikaji. Walaupun carian toxin mendapati kehadiran satu jujukan pengkodan lengkap (cds) yang menyerupai gen pilin di kedua-dua Vibrio faj, namun pada peringkat adalah sukar untuk menentusah samaada faj-faj ini memendam faktor virulen kerana gen tersebut mungkin digunakan oleh faj-faj ini semasa pelekatan pada sel perumah. Menariknya, genom bagi Vibrio faj VPLPKK5 adalah dipenuhi dengan gen-gen baru. Adalah diramalkan bahawa Vibrio faj VPLPKK5 berkemungkinan besar adalah ahli baru dalam keluarga *Siphoviridae*. Hasil kajian ini dipercaya boleh membawa kepada penemuan bacteriofaj yang berkesan melawan patogen bakteria ikan melalui terapi bakteriofaj di masa hadapan.