

**ИЗУЧЕНИЕ ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКОГО РОДСТВА
БАКТЕРИОФАГОВ PS.S-7 И PS.S-27 СЕРИИ УЛГАУ С ФАГАМИ,
АННОТИРОВАННЫМИ В NCBI**

Феоктистова Н.А., кандидат биологических наук, доцент,

тел. 8(8422) 55-95-47, feokna@yandex.ru

Сульдина Е.В., ассистент,

тел. 8(8422) 55-95-47, e.suldina2006@yandex.ru

Мастяленко А.В., кандидат биологических наук, доцент,

тел. 8(8422) 55-95-47, mav0608@yandex.ru

Абдурахманов И.М., аспирант,

тел. 8(8422) 55-95-47, abdrahmanov.ilnur@yandex.ru

ФГБОУ ВО Ульяновский ГАУ

Ключевые слова: бактериофаг, *Pseudomonas syringae*,
филогенетическое родство, NCBI

В статье представлены результаты исследований определения филогенетического родства бактериофага Ps.s-7 УЛГАУ с аннотированными в базе NCBI бактериофагами: *Pseudomonas phage* УН6 – 57,3 Kb; *Pseudomonas phage* LUZ7 – 72,5 Kb; *Pseudomonas phage* LIT1 – 72,5 Kb; *Pseudomonas phage* vB_Pae-AM.P2 – 72,7 Kb; *Pseudomonas phage* LP14 – 73,08 Kb; *Pseudomonas phage* KPP21 – 73,4 Kb; *Pseudomonas phage* vB_PaeP_C2-10_Ab09 – 92,7 Kb. Для бактериофага Ps.s-27 УЛГАУ было также построено филогенетическое дерево, включающее следующие бактериофаги: *Pseudomonas phage* vB_PaeM_SCUT-42,55 Kb; *Pseudomonas phage crassa* – 66,3 Kb; *Pseudomonas phage* PSA25 – 68,4 Kb.

Исследование выполнено при финансовой поддержке РФФИ и Ульяновской области РФ в рамках научного проекта № 19-44-730014.

На сегодняшний день в GenBank содержится более 60 полных геномов бактериофагов *P. aeruginosa*, что составляет 4% всех полностью

секвенированных фагов. В состав известных фаговых коктейлей в основном входят бактериофаги *Caudovirales* (хвостатые). Анализ генов бактериофагов показывает, что наиболее консервативными внутри каждой группы являются гены, кодирующие белковые продукты, формирующие структурные компоненты частицы фагов – икосаэдрическую головку (капсид) и хвост. Во всех случаях в качестве реперных консервативных генов были использованы гены мажорных или минорных белков капсидов. последовательности праймеров для всех [1-2].

Цель исследований - изучение филогенетического родства бактериофагов Ps.s-7 и Ps.s-27 серии УЛГАУ с фагами, аннотированными в NCBI.

Материалы и методы. Характеристика объектов исследований: бактериофаг Ps.s-7 УЛГАУ был выделен из пробы почвы (Самарская область, Кошкинский район с. Большая Константиновка) и имел следующие характеристики: литическая активность - $2,0 \pm 0,1 \times 10^9$ БОЕ/мл по Грацио, по Апфельману - 10^8 , капельный тест - n^9 ; диапазон литического действия - специфичен для 85,7 % бактериальных культур *Pseudomonas syringae* из 14 музейных штаммов НИИЦМиБ ФГБОУ ВО Ульяновский ГАУ, не лизирует культуры гомологичного рода. Бактериофаг Ps.s-27 УЛГАУ был выделен из пробы почвы (Самарская Ульяновская область Ульяновский район п. Ундоры) и характеризовался следующими показателями: $1,0 \pm 0,1 \times 10^9$ БОЕ/мл по Грацио, по Апфельману - 10^8 , капельный тест - n^9 ; диапазон литического действия - специфичен для 85,7 % бактериальных культур *Pseudomonas syringae* из 14 музейных штаммов НИИЦМиБ ФГБОУ ВО Ульяновский ГАУ, не лизирует культуры гомологичного рода [3-4].

Определение филогенетического родства бактериофагов Ps.s-7 УЛГАУ и Ps.s-27 УЛГАУ с аннотированными в базе NCBI бактериофагами, проводили, применяя Protein BLAST.

Результаты исследований и обсуждение. В рамках выполнения поставленной задачи было проведено исследование по классификации выделенных и селекционированных бактериофагов Ps.s-7 УЛГАУ и Ps.s-27 УЛГАУ на основе размера нуклеиновой кислоты. Так, сначала было определено филогенетическое родство бактериофагов Ps.s-7 УЛГАУ и Ps.s-27 УЛГАУ с аннотированными в базе NCBI бактериофагами, активными в отношении *Pseudomonas syringae*; затем определены классификация на основе размера

ДНК.

Для бактериофага Ps.s-7 УЛГАУ было построено филогенетическое дерево, включающее следующие бактериофаги (рис. 1):

- *Pseudomonas syringae* Ps.s-7 УЛГАУ – 38,2 Kb,
- *Pseudomonas* phage YH6 – 57,3 Kb,
- *Pseudomonas* phage LUZ7 – 72,5 Kb,
- *Pseudomonas* phage LIT1 – 72,5 Kb,
- *Pseudomonas* phage vB_Pae-AM.P2 – 72,7 Kb,
- *Pseudomonas* phage LP14 – 73,08 Kb,
- *Pseudomonas* phage KPP21 – 73,4 Kb,
- *Pseudomonas* phage vB_PaeP_C2-10_Ab09 – 92,7 Kb.

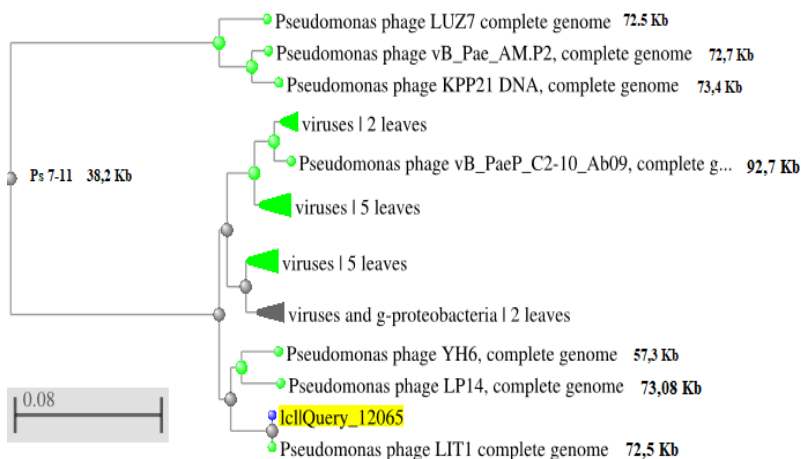


Рис. 1 - Филогенетическое родство бактериофага Ps.s-7 УЛГАУ с аннотированными в базе NCBI бактериофагами, активными в отношении *Pseudomonas syringae*

Для бактериофага Ps.s-27 УЛГАУ было также построено филогенетическое дерево, включающее следующие бактериофаги (рис. 2):

- *Pseudomonas syringae* Ps.s-27 УЛГАУ – 24,7 Kb,
- *Pseudomonas* phage vB_PaeM_SCUT– 42,55 Kb,
- *Pseudomonas* phage crassa – 66,3 Kb,
- *Pseudomonas* phage PSA25 – 68,4 Kb.

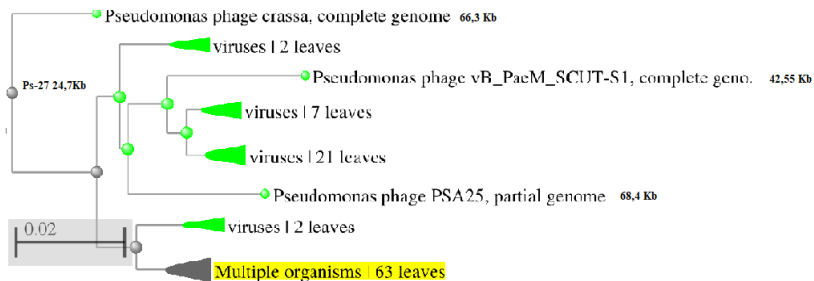


Рис. 2 - Филогенетическое родство бактериофага Ps.s-27 УЛГАУ с аннотированными в базе NCBI бактериофагами, активными в отношении *Pseudomonas syringae*

Определено филогенетическое родство бактериофага Ps.s-7 УЛГАУ с аннотированными в базе NCBI бактериофагами: *Pseudomonas* phage УН6 – 57,3 Kb; *Pseudomonas* phage LUZ7 – 72,5 Kb; *Pseudomonas* phage LIT1 – 72,5 Kb; *Pseudomonas* phage vB_Pae-AM.P2 – 72,7 Kb; *Pseudomonas* phage LP14 – 73,08 Kb; *Pseudomonas* phage KPP21 – 73,4 Kb; *Pseudomonas* phage vB_PaeP_C2-10_Ab09 – 92,7 Kb. Для бактериофага Ps.s-27 УЛГАУ было также построено филогенетическое дерево, включающее следующие бактериофаги: *Pseudomonas* phage vB_PaeM_SCUT– 42,55 Kb; *Pseudomonas* phage crassa – 66,3 Kb; *Pseudomonas* phage PSA25 – 68,4 Kb.

Закключение. Так как в основе классификации семейств бактериофагов, используемой в настоящее время, лежит тип нуклеиновой кислоты генома бактериофага, полученные нами данные позволяют в определить филогенетическое родство бактериофагов Ps.s-7 УЛГАУ и Ps.s-27 УЛГАУ с аннотированными в базе NCBI бактериофагами, применяя Protein BLAST, активными в отношении *Pseudomonas syringae*.

Исследование выполнено при финансовой поддержке РФФИ и Ульяновской области РФ в рамках научного проекта № 19-44-730014.

Библиографический список:

1. National Center for Biotechnology Information [www.ncbi.nlm.nih.gov.].

2. Ackermann, H.W. Bacteriophage taxonomy / H.W. Ackermann // Microbiology Australia. - 2011. - Vol. - P. 5.

3. Разработка схемы выделения и бактериологической идентификации бактерий *Pseudomonas syringae* и ее апробация / Н.А. Феоктистова, А.К. Беккалиева, Д.А. Васильев, Е.В. Сульдина // Вестник УГСХА. – 2021. - № 2 (54). – С. 148-156.

4. Bacteriophages of *Pseudomonas syringae*: features of isolation and study of main biological properties / D. A. Vasiliev, N. A. Feoktistova, E. V. Suldina, A. V. Mastilenko and A. K. Bekkalieva // IOP Conference Series: Earth and Environmental Science. - 723 (2021) 022084. doi:10.1088/1755-1315/723/2/022084.

STUDY OF PHYLOGENETIC RELATIONSHIP OF BACTERIOPHAGES PS.S-7 AND PS.S-27 SERIES OF ULGAU WITH PHAGES ANNOTATED IN NCBI

Feoktistova N.A., Suldina E.V., A.V. Mastilenko, Abdurakhmanov I.M.,

Keywords: bacteriophage, *Pseudomonas syringae*, phylogenetic affinity, NCBI

The article presents the results of studies to determine the phylogenetic relationship of bacteriophage Ps.s-7 UlGAU with bacteriophages annotated in the NCBI base: *Pseudomonas phage YH6* - 57,3 Kb; *Pseudomonas phage LUZ7* - 72,5 Kb; *Pseudomonas phage LIT1* - 72,5 Kb; *Pseudomonas phage vB_Pae-AM.P2* - 72,7 Kb; *Pseudomonas phage LP14* - 73,08 Kb; *Pseudomonas phage KPP21* - 73,4 Kb; *Pseudomonas phage vB_PaeP_C2-10_Ab09* - 92,7 Kb. For bacteriophage Ps.s-27 UlGAU, a phylogenetic tree was also built, including the following bacteriophages: *Pseudomonas phage vB_PaeM_SCUT* - 42.55 Kb; *Pseudomonas phage crassa* - 66,3 Kb; *Pseudomonas phage PSA25* - 68,4 Kb.

The reported study was funded by RFBR and Ulyanovsk region, project number 19-44-730014.