

ИЗУЧЕНИЕ БИОЛОГИИ БАКТЕРИОФАГА *PSEUDOMONAS SYRINGAE*

**Балтаева Г.З., студентка 1 курса магистратуры факультета
ветеринарной медицины и биотехнологий**

Научный руководитель – Феоктистова Н.А., кандидат

биологических наук, доцент

ФГБОУ ВО Ульяновский ГАУ

Ключевые слова: бактериофаг, *Pseudomonas syringae*, геном, протеомная характеристика

Статья посвящена описанию результатов исследований по изучению геномной и протеомной характеристик производственно-перспективного бактериофага *Ps.s-7* УлГАУ, специфичного для *Pseudomonas syringae* – фитопатогенных бактерий, которые являются космополитами для большинства культурных и дикорастущих растений различных семейств.

Обзор научных публикаций в реферативных базах данных за период 2014-2019 гг свидетельствует, что стратегия использования бактериофагов в качестве компонента системы биопроцессинга «от грядки до стола потребителя» имеет актуальность и практическую значимость [1-2]. Применение бактериофагов для борьбы с бактериозами в мире практически не используется из-за недостаточности общих биологических знаний о взаимодействии идентифицированных штаммов бактериофагов и фитопатогенных бактерий в окружающей среде [3-4].

Исследование было посвящено изучению геномной и протеомной характеристике производственно-перспективного бактериофага *Ps.s-7* УлГАУ, который планируется в дальнейшем использовать при конструировании фагового биопрепарата, специфичного для *Pseudomonas syringae* – фитопатогенных бактерий, которые являются космополитами для большинства культурных и дикорастущих растений различных семейств [5-6].

Объект исследований - бактериофаг Ps.s-7 УлГАУ. Индикаторная культура для культивирования бактериофага – это *Pseudomonas syringae* №3.

В основе одной из современных классификаций бактериофагов лежит определение типа нуклеиновой кислоты, составляющей их наследственный аппарат [6]. Однако не менее важной характеристикой их филогении является и размер ДНК или РНК. Так, размерность фаговых геномов колеблется от 3,5 (бактериофаг MS2) до 498 (бактериофаг G) тысяч оснований/пар оснований. В результате проведенных ранее исследований и расчетов коэффициента чистоты нуклеиновых кислот было сделано заключение, что использование методики экстракции на магнитных частицах и фенольно-хлороформная экстракция приводит к выходу матричной НК с максимальной чистотой. Однако коэффициент поглощения нуклеиновых кислот для методики с магнитными частицами значительно выше таковой у фенольно-хлороформной экстракции (в 1,07-3,91 раза).

Было поставлен электрофорез экстрагированной ДНК бактериофага Ps.s-7 УлГАУ в ПААГ. Далее на основе маркера молекулярного веса бактериофага Ps.s-7 УлГАУ нами был построен калибровочный график и произведен расчет молекулярного веса экстрагированной ДНК бактериофага Ps.s-7 УлГАУ. В результате экспериментов были определены размеры нуклеиновых кислот бактериофага Ps.s-7 УлГАУ. Максимальный расчетный размер составил 38137 п.н. Соответствие размерности ДНК было определено при последующем секвенировании.

В результате проведенного секвенирования и последующего биоинформационного анализа была определена нуклеотидная последовательность для дальнейшего анализа *in-silico*. По данным секвенирования размер ДНК бактериофага Ps.s-7 УлГАУ составил 32063 п.н., что соответствует данным электрофореза (при относительной погрешности $\delta=0.1894$).

Определены аминокислотные последовательности аннотированных белков со стандартным генетическим кодом стартовых аминокислот ATG, GTG и TTG. В системе Swiss-Model данные белки были смоделированы для целей определения димерных и полимерных структур, которые могут составлять капсиды бактериофагов. Исходя из проведенного анализа для Ps.s-7 УлГАУ только Prot8 является димером, что

может свидетельствовать о его потенциальной роли в структуре капсида бактериофага. Его молекулярная масса 45,9 kDa.

Библиографический список:

1. Разработка схемы выделения и бактериологической идентификации бактерий *Pseudomonas syringae* и ее апробации / Н.А. Феоктистова, А.К. Беккалиева, Д.А. Васильев, Е.В. Сульдина // Вестник Ульяновской государственной сельскохозяйственной академии. - 2021. - № 2 (54). - С. 148-156.

2. Изучение эффективности применения фагового биопрепарата для индикации *Pseudomonas syringae* в растительном сырье / Н.А. Феоктистова, Е.В. Сульдина, Д.А. Васильев, Б.А. Еспембетов // Материалы XI Международной научно-практической конференции «Аграрная наука и образование на современном этапе развития: опыт, проблемы и пути их решения». - Ульяновск, 2021. - С. 148-156.

3. 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, A.K. Bekkalieva // IOP Conference Series: Earth and Environmental Science. - 2021. - № 723. - С. 022084.

4. Подбор параметров культивирования бактериофагов *Pseudomonas syringae* / А.К. Беккалиева, Н.А. Феоктистова, Д.А. Васильев // В сборнике: Аграрная наука и образование на современном этапе развития: опыт, проблемы и пути их решения. Материалы X Международной научно-практической конференции. В 2-х томах. 2020. С. 252-255.

5. Конструирование бактериофагового препарата для биоконтроля *Pseudomonas syringae* в растениеводстве / Д.А. Васильев, А.К. Беккалиева, Н.А. Феоктистова, Е.В. Сульдина // Вестник Ульяновской государственной сельскохозяйственной академии. - 2020. - № 2 (50). - С. 130-137.

6. Разработка метода фагоиндикации бактерии *Pseudomonas syringae* в объектах санитарного надзора / Н.А. Феоктистова, А.К. Беккалиева, Д.А. Васильев, Е.В. Сульдина // Вестник Ульяновской государственной сельскохозяйственной академии. - 2020. - № 3 (51). - С. 148-157.

**STUDY OF THE BIOLOGY OF BACTERIOPHAGE
*PSEUDOMONAS SYRINGAE***

Baltaeva G.Z.

Keywords: *bacteriophage, Pseudomonas syringae, genome, proteomic characteristic*

The article is devoted to the description of the results of studies on the study of the genomic and proteomic characteristics of the production and promising bacteriophage Ps.s-7 UlGAU, specific for Pseudomonas syringae - phytopathogenic bacteria, which are cosmopolitans for most cultivated and wild plants of various families.