

Термофильный бактериофаг *Aeribacillus pallidus* AP45: биологические свойства, анализ генома, взаимодействие с микроорганизмом-хозяином

Научный руководитель – Морозова Вера Витальевна

Боковая Ольга Васильевна

Студент (магистр)

Новосибирский государственный университет, Факультет естественных наук,
Новосибирск, Россия

E-mail: bokovaya.o.v@gmail.com

Изучение термофильных бактериофагов представляет интерес для установления взаимоотношений микроорганизмов в экстремально высоких температурных условиях, а также для получения данных о термостабильных структурных белках и ферментах. При этом в отличие от бактериальных сообществ, бактериофаги многих экстремальных местообитаний до сих пор мало исследованы.

Ранее в Лаборатории молекулярной микробиологии ИХБФМ СО РАН из почвенных образцов Долины гейзеров на Камчатке был выделен термофильный бактериофаг AP45 и его термофильный микроорганизм-хозяин КЭМТК 656.

В ходе исследования штамм-хозяин бактериофага AP45 был идентифицирован как термофильный микроорганизм *Aeribacillus pallidus* методом флотипирования по последовательности гена 16S рРНК.

По результатам электронно-микроскопического анализа бактериофаг AP45 был отнесен к семейству *Siphoviridae*.

Фаг обладает следующими биологическими свойствами: на газоне чувствительной культуры продуцирует прозрачные негативные колонии размером 0,5-1 мм и широкую зону лизиса за счет продукции растворимого белка-лизина; константа адсорбции на бактериальных клетках составляет $8,45 \times 10^{-8} \pm 0,15$ мл/мин. Фаг термостабилен при 55-65°C, сохраняет жизнеспособность при нагревании в течение 2 часов при температуре 95°C, чувствителен к хлороформу. Латентный период инфекции составил 150 мин, а размер выхода фага - порядка 30 частиц на клетку.

Размер генома по данным полногеномного секвенирования составил 51606 н.п. Анализ полученной полногеномной последовательности выявил 74 предполагаемых открытых рамок трансляции (ОРТ). Геном содержит ОРТ, кодирующие белки рекомбинации и регуляции ДНК метаболизма, белки лизиса бактериальной клетки, структурные белки, а также 41 ОРТ, кодирующие белки с неизвестными функциями. Для предполагаемых структурных белков фага AP45 выявлено сходство с последовательностями термофильного бактериофага D6E [GU568037]. Большинство ОРТ неструктурных белков фага AP45 имеют сходство с ОРТ термофильных микроорганизмов, относящихся к семейству *Bacillaceae*.

Способность к лизогенному пути развития была предположена благодаря наличию нескольких белков рекомбинации и подтверждена индукцией выхода профага из резистентных клеток культуры КЭМТК 656.

Таким образом, впервые был охарактеризован бактериофаг, специфичный к термофильной бактерии *Aeribacillus pallidus*, выделенной из камчатского термофильного сообщества. Бактериофаг AP45 способен как к литическому, так и к лизогенному путям развития. Для последовательностей, кодируемых неструктурными ОРТ фага, не обнаружено аналогичных последовательностей бактериофагов в существующих базах данных.