

# Генетическая характеристика холерного бактериофага Rostov M3/ Genetic characterization of cholera bacteriophage Rostov M3

М. П. Погожова/M.P. Pogozhova

Н. Е. Гаевская, Р. В. Писанов, А. С. Водопьянов, Л. В. Романова, А. О. Аноприенко/  
N.E. Gayevskaya, R.V. Pisanov, A.S. Vodopyanov, L.V. Romanova, A.O. Anoprienko

ФКУЗ Ростовский-на-Дону противочумный институт Роспотребнадзора, Ростов-на-Дону, Россия/  
The Federal Government Health Institution «Rostov-on-Don Plague Control Research Institute»  
of the Federal Service for Surveillance in the Sphere of Consumers Rights Protection and  
Human Welfare Rostov-on-Don, Russia  
Научный руководитель: Н. Е. Гаевская/  
Supervisor: N.E. Gayevskaya

## Введение

В настоящее время обнаружено множество генов, характерных для умеренных бактериофагов. Наиболее информативным методом для выявления генетических детерминант умеренных бактериофагов является полногеномное секвенирование. Эта информация необходима для прогнозирования жизненного цикла фага и оценки перспектив практического использования. **Цель исследования** – полногеномное секвенирование и биоинформационный анализ бактериофага *Vibrio cholerae* Rostov M3 для оценки перспектив его практического использования.

## Материалы и методы

Геномная последовательность бактериофага была определена на платформе Miseq (Illumina). Сравнение собранного генома с аннотированными последовательностями известных бактериофагов проводили при помощи алгоритма BLASTN. Наличие или отсутствие генетических детерминант, характерных для умеренных бактериофагов проверяли при помощи, созданной нами, базы данных и разработанного программного обеспечения под названием «PhageAnalyzer», позволяющего проводить быстрый анализ данных полногеномного секвенирования фагов [1].



Рисунок 1. Морфология холерного бактериофага Rostov M3 (Увеличение x120000)

## Результаты

Холерный бактериофаг Rostov M3 активен в отношении *V.cholerae* серогруппы O1 биовара *Classical* с высоким диапазоном литической активности. Исследование методом электронной микроскопии показало, что Rostov M3 является головчатым (рисунок 1). Эти данные подтверждает анализ нуклеотидных последовательностей и относит его к ДНК-содержащим хвостатым фагам из группы *Vibrio phage* с размером генома 46669 п.н. и 50 ORF. В результате филогенетического анализа стало известно, что Rostov M3 является уникальным, так как находится «вне кластерных групп». Выявлено, что исследованный бактериофаг не содержит генетические детерминанты, характерные для умеренных фагов.

## Выводы

1. Холерный бактериофаг Rostov M3 может быть использован для дифференциации холерного вибриона O1 серогруппы биовара *Classical*.
2. *Vibrio phage* Rostov M3 является литическим и перспективным компонентом для создания профилактических и/или лечебных препаратов против холеры.
3. Полная геномная последовательность зарегистрирована и доступна в международной базе Genbank (NCBI) под номером MN379460-MN379463.

## Библиография

1. Погожова М.П., Водопьянов А. С., Гаевская Н.Е. и др. PhageAnalyzer – программа для анализа данных полногеномного секвенирования бактериофагов // Свидетельство о государственной регистрации программы для ЭВМ № 2019616060 от 17.05.2019

