

Молекулярно-генетическая характеристика нового бактериофага Adeo, лизирующего *Klebsiella pneumoniae* капсульного типа K39 / Molecular genetic characterization of a novel bacteriophage Adeo lytic for *Klebsiella pneumoniae* K39 capsule type

Колупаева Н.В. / Kolupaeva N.V.

Красильникова В.М., Воложанцев Н.В. / Krasilnikova V.V., Volozhantsev N.V.

Государственный научный центр прикладной микробиологии и биотехнологии, Оболенск, Россия / State Research Center for Applied Microbiology and Biotechnology, Obolensk, Russia

Введение

Качественная молекулярно-генетическая характеристика позволяет ответить на вопрос о пригодности использования новых литических бактериофагов для лечения и профилактики бактериальных инфекций, в том числе вызванных *K. pneumoniae*.

Цель

Молекулярно-генетическая характеристика литического бактериофага, специфичного для *K. pneumoniae* капсульного типа K39.

Материалы и методы

Бактериофаг Adeo выделен из сточных вод методом обогащения. Спектр литической активности и параметры инфекционного процесса (скорость адсорбции, одиночный цикл размножения) определяли титрованием по методу Грация и спот-тестированием. Секвенирование и анализ генома проводили на платформе Genolab M с использованием программ GeneMark, RAST и NCBI BLAST.

Результаты

Бактериофаг Adeo строго специфичен в отношении *K. pneumoniae* капсульного типа K39, стабилен в диапазоне температур от 8°C до 56°C (рис. 1); обладает высокой скоростью адсорбции (рис. 2); длительность латентного периода – 10 минут (рис. 3).

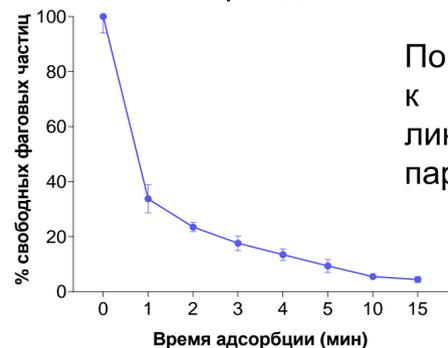


Рисунок 2. Скорость адсорбции фара Adeo на клетках *K. pneumoniae* B-1434/16

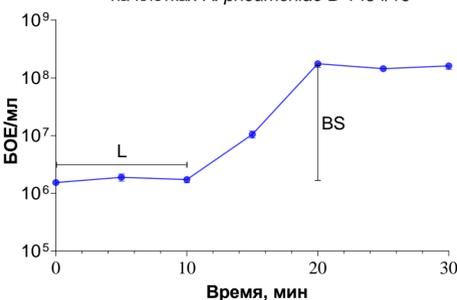


Рисунок 3. Кривая одиночного цикла размножения фара Adeo L - латентный период; BS-выход фараговых частиц

По результатам геномного анализа фара отнесен к роду Przondovirus; геном представлен линейной двухцепочечной ДНК длиной 41389 пар оснований с GC-составом 52.9%.

Для 67 % генов определены предполагаемые функции: выявлены гены ДНК-полимеразы, хеликазы, эндо- и экзонуклеаз, ингибитора бактериальной РНК-полимеразы, белков-упаковщиков ДНК, основного и внутренних белков капсида, белки коннектора и хвостовых структур, включая хвостовые спайковые белки с предполагаемым доменом полисахарид-деполимеразы (рис. 4).

В геноме фара не выявлено генов антибиотикорезистентности, токсинов и факторов вирулентности, а также генов определяющих лизогенный цикл развития фара.

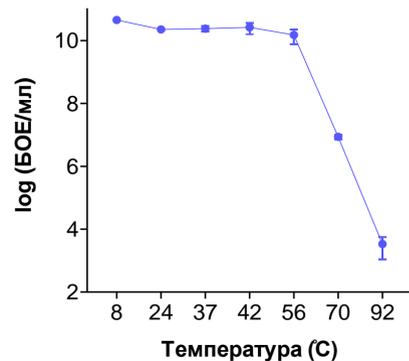


Рисунок 1. Тепловая инактивация фара Adeo

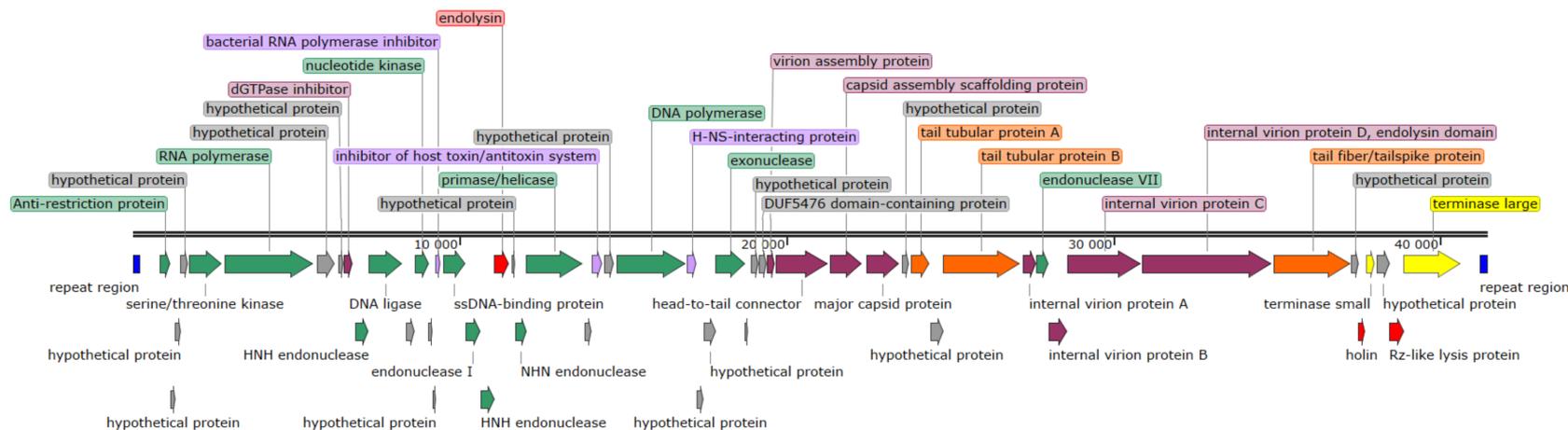
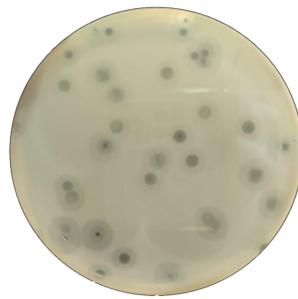


Рисунок 4. Геном бактериофага Adeo

Выводы

Впервые определены особенности литического фара, специфичного для *K. pneumoniae* капсульного типа K39. На основании данных молекулярно-генетического анализа фара Adeo можно рассматривать в качестве компонента для разработки лечебных препаратов против инфекций, вызванных *K. pneumoniae*. Бактериофаг депонирован в «ГКПМ-Оболенск» ФБУН ГНЦ ПМБ (инв.№ Ph-186), геном представлен в базе данных GenBank (OR855706.1.).

Работа выполнена в рамках отраслевой программы Роспотребнадзора.

