

**Полногеномный анализ бактериофага KP8, специфичного к бактерии
*Klebsiella pneumoniae***

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

Klebsiella pneumoniae это грамм-негативный оппортунистический нозокомиальный патоген, ассоциированный в основном с инфекционной пневмонией и инфекциями урогенитального тракта. Штаммы рода *Klebsiella* могут обладать множественной устойчивостью к антибиотикам, например, в 2017 году был обнаружен штамм, устойчивый ко всем известным антибиотикам. Коктейли бактериофагов против лекарственно-устойчивых штаммов *Klebsiella pneumoniae* могут быть использованы как биологическое лекарство.

В работе был охарактеризован клебсиелльный бактериофаг KP8 из коллекции экстремофильных микроорганизмов и типовых культур (КЭМТК) ИХБФМ СО РАН. KP8 обладает узким спектром хозяев и специфичен к штамму *Klebsiella pneumoniae* КЭМТК356. С помощью трансмиссионной электронной микроскопии бактериофаг был отнесен к семейству *Podoviridae*.

Из препарата фага KP8 была выделена геномная ДНК и проведено ее полногеномное секвенирование. Геномная последовательность фага KP8 была аннотирована и депонирована в GenBank Database (MG922974). Размер генома составил 73679 т.н.п., при этом G+C состав генома равен 44,2%. Последовательность содержит 94 предполагаемых ОРТ. Из 94 ОРТ более половины гипотетические и имеют неизвестные функции, в то время как 23 ОРТ имеют гомологию с генами фагов семейства *Podoviridae* из родов *N4virus* и *G7cvirus*. Были обнаружены ОРТ с функциями метаболизма ДНК и РНК, упаковки ДНК, и структурными функциями. Геном фага KP8 содержит три РНК-полимеразы, ответственные за экспрессию ранних и поздних генов. За процесс репликации фага отвечают ДНК геликаза, ДНК полимеразы I, ДНК праймаза, белок, связывающий одноцепочечную ДНК и rПА- and rПВ-подобные белки. Большая и малая субъединицы терминазы осуществляют упаковку ДНК в незрелую головку. Кластер структурных белков был обнаружен, но только 6 ОРТ имеют определенную функцию. Литическая кассета состоит из эндолизина, Rz/RzI спанина и предположительно холина. Концевые повторы генома фага составили 404 п.н.