

## ХАРАКТЕРИСТИКА БАКТЕРИОФАГОВ *PSEUDOMONAS PHAGE Ka1* ИЗ СЕМЕЙСТВА *PODOVIRIDAE* И *PSEUDOMONAS PHAGE Ka2* ИЗ СЕМЕЙСТВА *MYOVIRIDAE*

Бактериальная инфекция возникает, когда бактерии проникают в какую-то часть тела и вызывают у человека заболевание. Чтобы выжить в борьбе с антибиотиками и стать устойчивыми, бактерии создали несколько стратегий резистентности. На сегодняшний день резистентность бактерий к антибиотикам одна из самых больших проблем здравоохранения, так как она ухудшает лечение бактериальных инфекций, особенно у людей с ослабленным иммунитетом. Требуются новые эффективные подходы для лечения инфекций, например, бактериофаговая терапия. Фаги — это вирусы, которые заражают бактерии. Из-за их специфичности использование фагов в качестве терапевтического варианта представляется очень выгодным. Бактериофаги являются приемлемым вариантом для лечения инфекций человека, поскольку они быстро убивают своего бактериального хозяина, и их можно использовать, смешивая несколько, что сводит к минимуму вероятность приобретения бактериями устойчивости к фагам. Более того, эти микроорганизмы заражают только свои целевые бактерии и не влияют на микробиоту человека-хозяина, в отличие от антибиотиков, которые могут индуцировать кишечный микробный дисбактериоз.

Целью данной работы было охарактеризовать бактериофаги *Pseudomonas phage Ka1*, *Pseudomonas phage Ka2* и оценить возможность сочетания фаготерапии с антибактериальными препаратами против клеток *Pseudomonas aeruginosa*.

Из озера Байкал были выделены бактериофаги Ka1 и Ka2, способные лизировать клетки *P. aeruginosa*. Проведено полногеномное секвенирование генома бактериофагов на платформе Illumina-SOLEXA (MiSeq). Геном Ka1 состоит из 46092 п.о. и имеет максимальную идентичность с геномом бактериофага *Pseudomonas phage PSA37* (95 % идентичности при покрытии 79 %), принадлежащий к семейству *Podoviridae*. Геном Ka2 содержит 66310 п.о. и имеет максимальную идентичность с геномом бактериофага *Pseudomonas phage S50* (97 % идентичности при покрытии 99 %), относящимся к семейству *Myoviridae*. Электронная микроскопия *Pseudomonas phage Ka1* и *Pseudomonas phage Ka2* подтвердила соответствие структуры Подовирусам и Миовирусам соответственно. В ходе исследований был выявлен синергетический эффект бактериофагов Ka1 и Ka2 с антибактериальными препаратами: амикацином, гентамицином, колистином, меропенемом, цiproфлоксацином. В присутствии бактериофага Ka1 минимальная подавляющая концентрация амикацина и меропенема снижалась до 4 раз, цiproфлоксацина – до 2 раз, с гентамицином и колистином синергетический эффект не наблюдался. В сочетании с бактериофагом Ka2 МПК амикацина, гентамицина, меропенема снижалась в 4 раза. Напротив, антагонизм наблюдался с колистином.