

ЗАМЕТКИ

УДК 578.4

ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ Т4-БАКТЕРИОФАГОВ СЕМЕЙСТВА MYOVIRIDAE В ПРИБРЕЖНЫХ ВОДАХ ЧЁРНОГО МОРЯ

© 2016 г. **Т. В. Бутина**, канд. биол. наук, с. н. с.¹, **В. С. Муханов**, канд. биол. наук, зав. лаб.²,
Ю. С. Букин, канд. биол. наук, с. н. с.¹, **С. А. Потапов**, н. с.¹, **О. И. Белых**, канд. биол. наук, в. н. с.¹,
О. А. Рылькова, канд. биол. наук, с. н. с.², **Е. Г. Сахонь**, вед. инж.²

¹Лимнологический институт СО РАН, Иркутск, Россия

²Институт морских биологических исследований имени А. О. Ковалевского РАН, Севастополь, Россия

E-mail: tvbutina@mail.ru

Поступила в редакцию 12.09.2016 г. Принята к публикации 27.09.2016 г.

Вирусы – наиболее многочисленные и разнообразные патогены в водных экосистемах, где их концентрация достигает 10^9 частиц/мл. Большинство вирусов являются бактериофагами, они влияют на генетическое разнообразие и контролируют численность бактерий, в значительной мере определяя биоразнообразие, структуру, продуктивность и функционирование водных экосистем.

Одной из наиболее известных вирусных групп является род Т4-подобных вирусов (Т4-like viruses, Т4-бактериофаги) семейства Myoviridae, которые принадлежат отряду хвостатых бактериофагов (Caudovirales), имеют широкий круг хозяев и являются одними из самых многочисленных в морских и пресных водоёмах [Comeau, Krisch, 2008]. Благодаря разработанному набору праймеров на основе гена основного капсидного белка g23 Т4-бактериофагов [Adriaenssens, Cowan, 2014; Filée et al., 2005] проведен ряд исследований вирусов этой группы, показаны их повсеместное распространение и высокое разнообразие в водных экосистемах.

В данной работе мы исследовали генетическое разнообразие Т4-подобных вирусов семейства Myoviridae в сопредельных биотомах разной солёности. Материалом для исследования послужили пробы из устья р. Чёрной (юго-западный Крым); разных частей Севастопольской бухты (Чёрное море) и гиперсолёного озера на м. Херсонес (юго-западный Крым).

По предварительным оценкам выявлена наибольшая обособленность (изолированность) сообщества из гиперсолёного озера. Остальные пробы располагались в соответствии с градиентом убывания солёности от открытых морских к пресным водам. Полученные результаты могут служить подтверждением гипотезы об: а) изолированности микробиоты разных биотомов и б) транс-биотомных инвазиях Т4-бактериофагов как относительно редком явлении. Однако её верификация требует проведения дальнейших метагеномных исследований микробиоты из дистанционно удалённых и сопредельных биотомов. В соответствии с результатами сравнительного филогенетического анализа полученных в Чёрном море данных с известными наборами фрагментов того же гена из других морских и пресных водоёмов, клоны из морских и пресноводных биотомов формировали отдельные кластеры. Результаты статистического UniFrac UPGMA-анализа генов g23 выявили статистически достоверные различия сообществ Т4-подобных вирусов морских и пресных водоёмов. Таким образом, граница между морским и пресноводным биотомами может представлять для них серьёзный барьер.

Благодарности. Работа выполнена в рамках государственного задания № 0345-2014-0002 при поддержке грантов РФФИ № 14-04-90421 и № 14-44-04158 p_сибирь_a.

Genetic diversity of T4-like bacteriophages (Myoviridae) in the Black Sea coastal waters. T. V. Butina¹, V. S. Mukhanov², Yu. S. Bukin¹, S. A. Potapov¹, O. I. Belykh¹, O. A. Rylkova², Ye. G. Sakhon² ¹Limnological Institute Siberian Branch RAS, Irkutsk, Russian Federation, ²Kovalevsky Institute of Marine Biological Research RAS, Sevastopol, Russian Federation. Genetic diversity of T4-like bacteriophages was shown to be high in contiguous freshwater, marine and hypersaline biomes by the major capsid gene g23 sequencing. The biomes differed significantly in terms of g23 sequence diversity. The hypothesis of inter-biome invasions of T4-like bacteriophages is discussed. **Keywords:** bacteriophage, T4-like bacteriophages, genetic diversity, gene g23, biome, Black Sea