

СРАВНИТЕЛЬНЫЙ ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ БАКТЕРИОФАГОВ В ОЗЕРАХ РАЗЛИЧНОЙ ТРОФНОСТИ (БАЙКАЛ И КОТОКЕЛЬ)

Т.В. Бутина, С.А. Потапов, О.И. Белых

COMPARATIVE PHYLOGENETIC ANALYSIS OF BACTERIOPHAGES IN LAKES OF DIFFERENT TROPHIC STATUS (BAIKAL AND KOTOKEL)

T.V. Butina, S.A. Potapov, O.I. Belykh

*Учреждение Российской академии наук Лимнологический институт
Сибирского отделения РАН, г. Иркутск, Россия, tvbutina@mail.ru*

В последние два десятилетия интерес к изучению вирусных сообществ водных экосистем неуклонно возрастает, что обусловлено той глобальной ролью, которую они играют в функционировании водоемов.

Целью данной работы стало сравнительное изучение генетического разнообразия бактериофагов в озерах различной трофности – олиготрофного оз. Байкал и эвтрофного оз. Котокель. Озеро Байкал – один из самых крупных пресноводных водоемов – уникальный по своим свойствам и видовому разнообразию. Озеро Котокель – высокопродуктивный водоем, подверженный значительному антропогенному влиянию, расположенный вблизи оз. Байкал. В этом озере ежегодно в летний период наблюдается «цветение» воды, вызванное массовым развитием токсичных цианобактерий родов *Anabaena* и *Microcystis*. В отличие от оз. Котокель, в Байкале в большом количестве развиваются мелкие, нетоксичные пикоцианобактерии. Как известно, бактериофаги являются одним из природных факторов, регулирующих численность бактерий, в том числе патогенных, а также цианобактерий, в том числе токсичных.

Пробы воды из оз. Байкал и оз. Котокель были отобраны в августе 2010 г. на глубине 5–10 метров. Отобранные пробы воды последовательно фильтровали через поликарбонатные фильтры (Millipore) с диаметром пор 1,2; 0,8; и 0,2 мкм. Для данной работы были выбраны наборы праймеров к генам капсидного белка g20, белка системы фотосинтеза psbD цианофагов и основного капсидного белка g23 T4-бактериофагов. В качестве матрицы для ПЦР использовали непосредственно фильтрованные пробы воды. ПЦР-фрагменты клонировали с помощью набора InsTAclone (Fermentas) и определяли нуклеотидные последовательности на автоматическом секвенаторе Beckman Coulter CEQ8800.

Полученные данные показали, что бактериофаги оз. Байкал и оз. Котокель являются уникальными и характеризуются большим разнообразием. Сравнительный анализ последовательностей вирусных генов, а также качественного и количественного состава фито- и бактериопланктона этих озер выявил отличия и сходства в составе различных сообществ микроорганизмов. Проведенный анализ показал, что бактериофаги из оз. Котокель филогенетически наиболее близки к бактериофагам другого эвтрофного водоема – оз. Дунху (Китай). Таким образом, по нашим данным продуктивность озерных экосистем определяет состав и разнообразие вирусных сообществ.

Работа выполнена при поддержке грантов РФФИ № 10-04-01613-а и 11-04-92220-Монг_а.