

ISSN 1561-8323 (Print)
ISSN 2524-2431 (Online)

БИОЛОГИЯ BIOLOGY

УДК 579
<https://doi.org/10.29235/1561-8323-2026-70-3-215-222>

Поступило в редакцию 07.05.2026
Received 07.05.2026

Академик Э. И. Коломиец, М. Н. Мандрик-Литвинкович, Т. А. Пилипчук, В. Н. Купцов

Государственное научно-производственное объединение «Химический синтез и биотехнологии»
ул. Купревича, 2, 220084, Минск, Республика Беларусь

БАКТЕРИОФАГИ ФИТОПАТОГЕННЫХ БАКТЕРИЙ КАК ОСНОВА БИОПРЕПАРАТОВ ДЛЯ ЗАЩИТЫ РАСТЕНИЙ ОТ БОЛЕЗНЕЙ

Аннотация. Выделены и охарактеризованы бактериофаги фитопатогенных бактерий родов *Pseudomonas*, *Dickeya*, *Xanthomonas* – возбудителей болезней овощных культур. С учетом результатов молекулярно-генетического анализа выделенных фагов проведена их идентификация, установлена перспективность и безопасность для использования в защите растений. Научно обоснована целесообразность комбинирования различных штаммов бактериофагов для обеспечения комплексного контроля возбудителей бактериозов и снижения рисков развития резистентности патогенов. Показано, что биопрепараты, созданные на основе консорциумов бактериофагов, характеризуются высокой биологической эффективностью в отношении фитопатогенных бактерий (50–69 %), а на основе композиции бактериофагов с бактериями-антагонистами проявляют комплексную активность и могут использоваться для контроля широкого спектра возбудителей болезней бактериальной и грибной этиологии.

Ключевые слова: бактериофаг, геном, *Pseudomonas*, *Dickeya*, *Xanthomonas*, консорциум бактериофагов, бактериально-фаговая композиция

Для цитирования. Бактериофаги фитопатогенных бактерий как основа биопрепаратов для защиты растений от болезней / Э. И. Коломиец, М. Н. Мандрик-Литвинкович, Т. А. Пилипчук, В. Н. Купцов // Доклады Национальной академии наук Беларуси. – 2026. – Т. 70, № 3. – С. 215–222. <https://doi.org/10.29235/1561-8323-2026-70-3-215-222>

Academician Emilia I. Kolomiets, Maryna N. Mandryk-Litvinkovich,
Tatyana A. Pilipchuk, Vladislav N. Kuptsov

State Scientific Production Association of Chemical Synthesis and Biotechnology
2, Kuprevich Str., 220084, Minsk, Republic of Belarus

BACTERIOPHAGES OF PHYTOPATHOGENIC BACTERIA AS THE BASIS OF BIOLOGICAL PREPARATIONS FOR PLANT PROTECTION

Abstract. Bacteriophages of phytopathogenic bacteria of the genera *Pseudomonas*, *Dickeya*, and *Xanthomonas*, which are the causative agents of vegetable crops diseases, have been isolated and characterized. Based on the results of molecular genetic analysis of the isolated phages, their identification has been carried out, and their suitability and safety for use in plant protection have been established. It has been shown that biologics based on bacteriophage consortia are highly effective against phytopathogenic bacteria (50–69 %), while those based on a combination of bacteriophages and antagonistic bacteria exhibit broad-spectrum activity and can be used to control a wide range of bacterial and fungal pathogens.

Keywords: bacteriophage, genome, *Pseudomonas*, *Dickeya*, *Xanthomonas*, phage consortium, bacterial-phage composition

For citation. Kolomiets E. I., Mandryk-Litvinkovich M. N., Pilipchuk T. A., Kuptsov V. N. Bacteriophages of phytopathogenic bacteria as the basis of biological preparations for plant protection. *Doklady Natsional'noi akademii nauk Belarusi = Doklady of the National Academy of Sciences of Belarus*, 2026, vol. 70, no. 3, pp. 215–222 (in Russian). <https://doi.org/10.29235/1561-8323-2026-70-3-215-222>

Введение. В настоящее время потери урожая овощных культур от бактериозов и смешанных бактериально-грибных инфекций достигают 40–60 % [1]. Особенно большой урон овощным культурам наносят фитопатогенные бактерии родов *Pseudomonas*, *Dickeya*, *Xanthomonas*, *Clavibacter* и *Pectobacterium*. В связи с длительным латентным периодом развития указанных культур и сложностью диагностики на ранних стадиях инфекционного процесса вызываемые ими болезни расте-

ний относятся к разряду особо вредоносных. Кроме того, поражая ткани, бактериальные возбудители приводят к ослаблению растений и способствуют развитию грибных фитопатогенов [2; 3].

Для борьбы с болезнями растений накоплен значительный арсенал приемов и средств, среди которых агротехнические, химические, селекционно-генетические и биологические. Химический метод защиты растений пока продолжает занимать ведущее место, особенно в системах интенсивных технологий возделывания сельскохозяйственных культур. Однако широкое использование пестицидов и агрохимикатов приводит к дестабилизации фитосанитарного состояния агроэкосистем, при этом изменяется структура и нарушается равновесие в сообществах патогенных и полезных микроорганизмов, в результате чего количество вредоносных видов достигает экономически опасного уровня.

К перспективным средствам защиты растений от бактериозов относятся биологические препараты на основе фагов фитопатогенных бактерий, которые являются естественными компонентами экосистем и характеризуются высокой видоспецифичностью к контролируемым бактериям. Бактериофаги способны самовоспроизводиться и самоограничиваться при наличии или отсутствии бактерий-хозяев [4]. Кроме того, комбинирование в одном препарате нескольких моновалентных бактериофагов, специфичных в отношении разных фитопатогенных бактерий, а также соединение бактериофагов с бактериями – антагонистами фитопатогенных грибов позволяет расширить спектр применения препаратов и обеспечить комплексную защиту целевой культуры.

К настоящему времени выделены и изучены бактериофаги фитопатогенных бактерий *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria*, *Ralstonia solanacearum*, *Pseudomonas syringae*, *Dickeya solani*, *Erwinia amylovora* – возбудителей болезней томата, огурца, картофеля и плодовых культур. Вместе с тем разработкой технологий получения фаговых препаратов занимаются только единичные организации. Так, американско-канадская фирма OmniLitics разработала два фаговых препарата для борьбы с черной бактериальной пятнистостью и бактериальным раком томата – «Агрифаг» и «Агрифаг СММ». Применение препарата «Агрифаг» снижает до 62 % развитие *Xanthomonas axonopodis* pv. *allii* на луке и до 50 % – *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria* на томате. Препарат «Агрифаг СММ», состоящий из смеси фагов бактерий *Clavibacter michiganensis* subsp. *michiganensis*, подавляет развитие бактериального рака томатов на 20–30 % [5; 6].

Препарат «Стримфаг», разработанный российской компанией ООО «ИЦ «Фитоинженерия», и английский препарат «Biolyse-PB» эффективны против бактериальных гнилей картофеля, вызываемых представителями родов *Pectobacterium* и *Dickeya* [7].

Поскольку в литературе практически отсутствуют сведения о разработке фаговых препаратов полифункционального действия, в задачи настоящей работы входило получение и изучение штаммов бактериофагов фитопатогенных бактерий различных родов с целью создания консорциумов с широким спектром антибактериальной активности, а также композиций бактериофагов с бактериями-антагонистами для комплексной защиты овощных культур от болезней бактериальной и грибной этиологии.

Материалы и методы исследования. Выделение бактериофагов проводили методом обогащения [8] из образцов почвы, растений (огурец, томат), искусственных субстратов для выращивания овощей (минеральная вата). В качестве индикаторных культур в работе использовали фитопатогенные бактерии родов *Pseudomonas*, *Dickeya*, *Xanthomonas* из Белорусской коллекции непатогенных микроорганизмов (БКМ). Бактерии выращивали на агаризованной или жидкой питательной среде с гидролизатом рыбной муки (ГРМ-агар или ГРМ-бульон) при 28–30 °C в течение 24–48 ч.

Чистые линии бактериофагов получали путем 5 последовательных пассажей из морфологически однородных негативных колоний: единичные негативные колонии помещали в 1 мл ГРМ-бульона, добавляли 10 мкл хлороформа, центрифугировали, супернатант высевали на чашки методом агаровых слоев.

Для получения фаголизатов бактериальную культуру штамма-хозяина, находящуюся в экспоненциальной фазе роста, заражали фагом в соотношении 1 : 100, культивировали до наступления лизиса бактериальной культуры, центрифугировали при 6000 g в течение 20 мин и пропускали через мембранный фильтр с диаметром пор 0,2 мкм. Лизаты бактериофагов хранили при 4 °C.

Спектр литической активности бактериофагов оценивали по образованию зон лизиса на газонах тестируемых бактериальных культур после нанесения на них фага (spot-тест) [9].

Антимикробную активность бактерий-антагонистов оценивали методом лунок [10].

Для выделения фаговой ДНК фаголизат пропускали через мембранный фильтр с диаметром пор 0,22 мкм и затем центрифугировали при 35000 g. Полученный осадок растворяли в ТЕ-буфере и обрабатывали препаратами ДНКазы I и РНКазы А в течение 30 мин при 37 °С. После инактивации ферментов при 65 °С добавляли 30 %-ный раствор полиэтиленгликоля (Mr 6000), оставляли на ночь при 4 °С для лучшего осаждения фаговых частиц, центрифугировали при 12000 g в течение 5 мин и из полученного осадка выделяли нуклеиновые кислоты с использованием коммерческого набора «Bacteria DNA Preparation Kit» (Jena Bioscience, Германия). Концентрацию выделенной ДНК фага определяли с помощью спектрофотометра NanoPhotometrR P-Class P 330 (Implen, Германия).

Определение нуклеотидной последовательности геномов фагов проводили на приборе MiSeq (Illumina) с использованием комплекта реактивов MiSeq Reagent Kit v3 (Illumina). Фрагменты ДНК размером от 50 до 300 нуклеотидов, содержащие менее 1 ошибки на 1000 нуклеотидов, собирали в единую нуклеотидную последовательность с помощью программы SPAdes-3.14.1. Аннотация генетической последовательности проводилась с помощью программ PHIRE, BPROM, ARNold, SQ, Standard Protein BLAST, а анализ возможных функций – по поиску консервативных доменов с использованием программ InterProScan, NCBI Conserved Domain Search [11]. Попарное сравнение полных последовательностей геномной ДНК фагов и построение филогенетических деревьев фаговых протеом осуществляли с помощью tBLASTx, визуализированных при использовании программы ViPTree [12].

Результаты и их обсуждение. При изучении видового состава фитопатогенных бактерий, распространенных на территории Республики Беларусь, установлено, что доминирующими штаммами являются *Pseudomonas syringae*, *Pseudomonas corrugata*, *Xanthomonas campestris* и *Dickeya dadanti*. С целью разработки эффективных способов контроля указанных фитопатогенов выделены, изучены и депонированы в БКМ штаммы бактериофагов, характеризующиеся высоким титром (не менее $1,0 \cdot 10^9$ БОЕ/мл), стабильностью в диапазоне температур 30–60 °С и pH среды 5–9, устойчивостью к хлороформу (в концентрации 1–10 % при 1 ч экспозиции), перспективные для создания консорциумов и биопрепаратов с широким спектром литического действия.

В частности, консорциум, включающий шесть штаммов бактериофагов *Pseudomonas syringae* (*Pseudomonas phage* БИМ BV-45 Д, БИМ BV-46 Д, БИМ BV-47 Д, БИМ BV-50 Д, БИМ BV-53 Д, БИМ BV-61 Д), использован для создания высокоэффективного биопестицида «Мультифаг», предназначенного для защиты культуры огурца от бактериальной пятнистости листьев. На основе консорциума бактериофагов *Dickeya phage* БИМ BV-99 Д, *Xanthomonas phage* БИМ BV-100 Д, *Pseudomonas phage* БИМ BV-101 Д разработан биопрепарат «Мультифаг-С» для комплексной защиты томата от мокрой гнили, черной бактериальной пятнистости, некроза сердцевины стебля. Бактериально-фаговая композиция штаммов бактериофагов *Pseudomonas phage* P11, *Xanthomonas phage* X69 и бактерий *Bacillus licheniformis* 25 использована в составе биопрепарата «БациФаг-Композит» для комплексной защиты овощных культур от болезней грибной и бактериальной этиологии.

Высокая эффективность разработанных препаратов достигается благодаря широкому спектру литической активности выделенных монокультур бактериофагов и их консорциумов. Так, бактериофаги, входящие в состав биопестицида «Мультифаг» из 9 тестируемых штаммов бактерий рода *Pseudomonas*, способны лизировать 5–7, а консорциум фагов подавлять развитие всех 9 испытанных бактериальных культур (табл. 1).

Впервые определены и зарегистрированы в ГенБанке Национального центра биотехнологической информации США (NCBI) под номерами MT094430, MT094431, KP025626 полные нуклеотидные последовательности геномов бактериофагов *Pseudomonas phage* БИМ BV-45 Д, *Pseudomonas phage* БИМ BV-46 Д, *Pseudomonas phage* БИМ BV-61 Д соответственно. Выявлены и охарактеризованы гены, кодирующие белки репликации фаговой ДНК, а также белки, ответственные за литическую активность (лизозим, холин, эндолизин). Установлено, что в геномах исследуемых

Т а б л и ц а 1. Характеристика спектра литического действия монокультур и консорциума бактериофагов – основы биопестицида «Мультифаг»

Table 1. Characteristic of the spectrum of lytic action of monocultures and the consortium of bacteriophages that form the basis of the biopesticide «MultiPhag»

Штамм бактерий рода <i>Pseudomonas</i> A strain of bacteria of the genus <i>Pseudomonas</i>	Бактериофаг <i>Pseudomonas phage</i> Bacteriophage <i>Pseudomonas phage</i>						Консорциум Consortium
	БИМ BV-45 Д BV-45 D BIM	БИМ BV-46 Д BV-46 D BIM	БИМ BV-47 Д BV-47 D BIM	БИМ BV-50 Д BV-50 D BIM	БИМ BV-53 Д BV-53 D BIM	БИМ BV-61 Д BV-61 D BIM	
<i>P. caricaporayae</i> БИМ В-239	+	+	–	+	+	–	+
<i>P. syringae</i> БИМ В-240	+	–	+	+	+	–	+
<i>P. syringae</i> БИМ В-266	–	–	–	+	+	–	+
<i>P. syringae</i> БИМ В-268	+	+	+	+	+	+	+
<i>P. syringae</i> БИМ В-280	–	–	–	–	–	+	+
<i>P. syringae</i> БИМ В-1229	+	+	+	–	+	+	+
<i>P. syringae</i> БИМ В-1140	+	+	+	+	+	+	+
<i>P. syringae</i> БИМ В-1144	+	+	+	+	+	+	+
<i>P. amygdali</i> pv. <i>lachrymans</i> БИМ В-695	–	–	–	–	–	+	+
Количество фитопатогенных бактерий:							
всего/чувствительных к фагу (шт.)	9/6	9/5	9/5	9/6	9/7	9/5	9/9
в процентном соотношении (%)	66,7	55,5	55,5	66,7	77,8	55,5	100

П р и м е ч а н и я: «+» – наличие зон лизиса; «–» – отсутствие зон лизиса.

N o t e s: «+» – presence of lysis zones; «–» – absence of lysis zones.

фагов отсутствуют детерминанты, определяющие лизогенный цикл, что дополнительно свидетельствует в пользу их вирулентности и перспективности использования для разработки средств защиты растений от бактериозов.

Секвенирование и анализ полных нуклеотидных последовательностей геномов фагов *Pseudomonas phage* БИМ BV-45 Д, *Pseudomonas phage* БИМ BV-46 Д, *Pseudomonas phage* БИМ BV-61 Д позволили установить их таксономический статус и филогенетическое родство с известными фагами из ГенБанка NCBI. Штамм *Pseudomonas phage* БИМ BV-45 Д отнесен к роду *Bifseptvirus* семейства *Autographiviridae*, а *Pseudomonas phage* БИМ BV-46 Д и *Pseudomonas phage* БИМ BV-61 Д отнесены к разным видам рода *Pifdecavirus*, подсемейства *Studiervirinae*, семейства *Autographiviridae* (рис. 1, 2).

Проведенный с использованием сервера ViPTree сравнительный анализ показал, что полные нуклеотидные последовательности генома фага *Pseudomonas phage* БИМ BV-45 Д наиболее сходны с таковыми фага *Pseudomonas phage* Andromeda, изолированного ирландскими учеными из р. Лаган, лизирующего бактерии *Pseudomonas syringae* pv. *syringae* VanHall и фага *Pseudomonas phage* Bf7, выделенного венгерскими исследователями и характеризующегося широким спектром литической активности в отношении 16 штаммов бактерий рода *Pseudomonas* (*P. tolaasii*, *P. reagents*, *P. agarici*, *P. cichorii*, *P. fluorescens* (II, III и IV биовары), *P. poae*, *P. putida*, *P. rhizosphaerae*). Белки, кодируемые фагами *Pseudomonas phage* БИМ BV-61 Д и *Pseudomonas phage* БИМ BV-46 Д, сходны с гомологичными полипептидами фага *Pseudomonas phage* phiBB-PF7A, лизирующего бактерии *P. fluorescens*, и фага *Pseudomonas phage* Phi-S1, активного в отношении широкого спектра бактерий рода *Pseudomonas* (*P. fluorescens*, *P. putida*, *P. stutzeri*, *P. aeruginosa*, *P. fragii*, *P. taetrolens*, *P. convexa*, *P. mucidolens*, *P. ovalis*, *P. synxantha*). Сходство исследуемых и известных штаммов бактериофагов с высокой литической активностью в отношении широкого спектра бактерий рода *Pseudomonas* позволяет сделать вывод о перспективности выделенных культур в качестве основы новых фаговых препаратов.

С целью создания таких препаратов бактериофаги *Pseudomonas syringae* культивировали с использованием в качестве индикаторной культуры непатогенного штамма *Pseudomonas zeae* БИМ

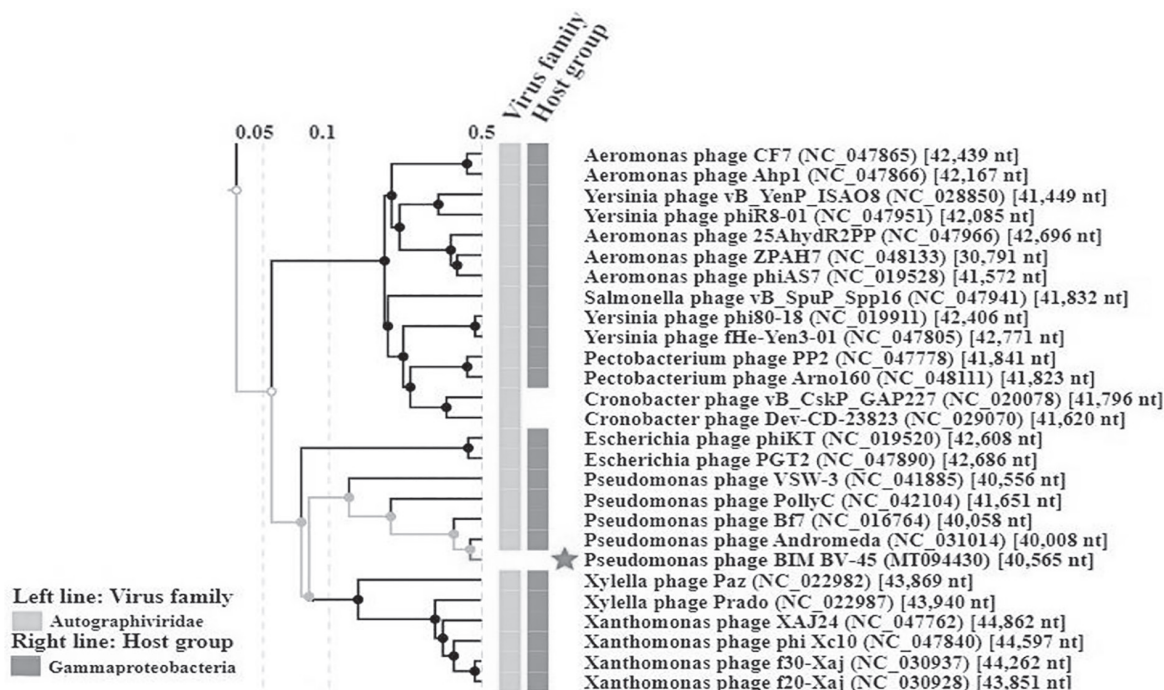


Рис. 1. Филогенетическое дерево фаговых протеомов, построенное с использованием сервера ViPTree. Положение фага *Pseudomonas phage* BIM BV-45 Д на филогенетическом дереве обозначено звездочкой

Fig. 1. Phylogenetic tree of phage proteomes constructed using the ViPTree server. The position of the *Pseudomonas phage* BV-45D BIM phage on the phylogenetic tree is indicated by an asterisk

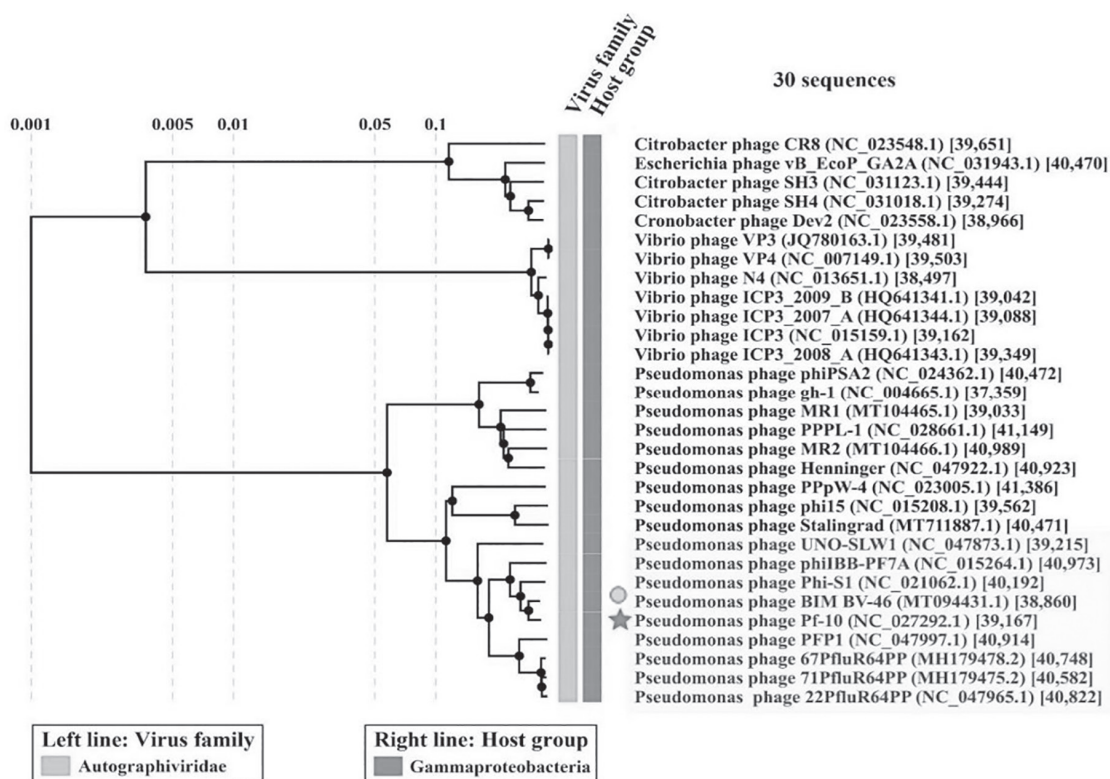


Рис. 2. Филогенетическое дерево фаговых протеомов. Положение *Pseudomonas phage* BIM BV-61 Д (Pf-10) на филогенетическом дереве обозначено звездочкой, а *Pseudomonas phage* BIM BV-46 Д – кругом

Fig. 2. Phylogenetic tree of phage proteomes. The position of *Pseudomonas phage* BIM BV-61 D (Pf-10) on the phylogenetic tree is indicated by an asterisk, and *Pseudomonas phage* BIM BV-46 D is indicated by a circle

В-582 Д в питательной среде с гидролизатом рыбной муки при температуре 28 °С, интенсивности аэрации 1,0 л воздуха/л среды·мин, частоте вращения мешалки 70 об/мин и последующего смешивания лизатов в соотношении 1 : 1 : 1 : 1 : 1 : 1. В течение непродолжительного ферментационного процесса (4–6 ч) разработанная технология обеспечивает получение готового биоpestицида «Мультифаг» с титром не менее $1,0 \cdot 10^9$ БОЕ/мл и биологической эффективностью в отношении фитопатогенных бактерий *P. syringae* 48–51 %.

Секвенирование и аннотация генома бактериофага *Dickeya phage* БИМ BV-99 Д подтвердили перспективность его использования в защите томата от мокрой гнили, поскольку в составе генома выявлены детерминанты, ответственные за лизис бактериальных клеток, синтез белков капсида и отростка, репликацию фаговой ДНК. Согласно полученным данным, указанный бактериофаг

Т а б л и ц а 2. Характеристика спектра литического действия монокультур и консорциума бактериофагов – основы биопрепарата «Мультифаг-С»

Table 2. Characteristic of the spectrum of lytic action of monocultures and a consortium of bacteriophages – the basis of the biopreparation «Multiphag-C»

Штамм фитопатогенных бактерий Strain of phytopathogenic bacteria	Бактериофаги Bacteriophages			Консорциум Consortium
	<i>Dickeya phage</i> БИМ BV-99 Д	<i>Pseudomonas phage</i> БИМ BV-101 Д	<i>Xanthomonas phage</i> БИМ BV-100 Д	
<i>D. dadantii</i> БИМ В-921	+	–	–	+
<i>P. corrugata</i> БИМ В-673	–	+	–	+
<i>P. syringae</i> БИМ В-268	+	+	+	+
<i>P. syringae</i> БИМ В-267	–	–	+	+
<i>P. syringae</i> БИМ В-266	–	–	+	+
<i>P. syringae</i> БИМ В-239	–	–	+	+
<i>X. phaseoli</i> БИМ В-279	–	–	+	+
<i>X. campestris</i> БИМ В-259	–	–	+	+
Количество фитопатогенных бактерий:				
всего/чувствительных к фагу (шт.)	8/2	8/2	8/6	8/8
в процентном соотношении (%)	25	25	75	100

П р и м е ч а н и я: «+» – наличие зон лизиса; «–» – отсутствие зон лизиса.

N o t e s: «+» – presence of lysis zones; «–» – absence of lysis zones.

Т а б л и ц а 3. Характеристика спектра антимикробного действия монокультур и композиции бактериофагов и бактерий-антагонистов – основы биопрепарата «БацИФагКомпозит»

Table 3. Characteristic of the spectrum of antimicrobial action of monocultures and composition of bacteriophages and antagonist bacteria – the basis of the biopreparation «BaciPhagComposite»

Штамм фитопатогенных бактерий и грибов Strain of phytopathogenic bacteria and fungi	<i>Pseudomonas phage</i> P11	<i>Xanthomonas phage</i> X69	<i>B. licheniformis</i> 25	Бактериально-фаговая композиция
	спектр литической активности spectrum of lytic activity		диаметр зоны ингибирования роста патогена, мм diameter of the pathogen growth inhibition zone, mm	диаметр зоны ингибирования роста патогена, мм/наличие зон лизиса diameter of the pathogen growth inhibition zone, mm/presence of lysis zones
<i>P. syringae</i> БИМ В-239	+	–	19,0 ± 0,2	18,0 ± 0,5/+
<i>P. syringae</i> БИМ В-266	+	–	21,0 ± 0,2	20,0 ± 0,2/+
<i>P. syringae</i> БИМ В-267	+	–	18,0 ± 0,6	18,0 ± 0,4/+
<i>P. syringae</i> БИМ В-268	+	–	22,0 ± 0,4	20,0 ± 0,6/+
<i>P. helmanticensis</i> БИМ В-582	+	–	19,0 ± 0,5	20,0 ± 0,4/+
<i>X. campestris</i> БИМ В-1587	–	+	22,0 ± 0,2	20,0 ± 0,4/+
<i>X. phaseoli</i> БИМ В-279	–	+	20,0 ± 0,4	18,0 ± 0,2/+
<i>Alternaria alternata</i> БИМ F-462	–	–	25,0 ± 0,4	24,0 ± 0,8/–
<i>Cladosporium cladosporioides</i> БИМ F-593	–	–	28,0 ± 0,7	27,0 ± 0,5/–
<i>Botrytis cinerea</i> БИМ F-551	–	–	30,0 ± 0,7	28,0 ± 0,7/–
<i>Fusarium oxysporum</i> БИМ F-565	–	–	29,0 ± 0,5	27,0 ± 0,5/–

П р и м е ч а н и я: «+» – наличие зон лизиса бактерий; «–» – отсутствие зон лизиса бактерий.

N o t e s: «+» – the presence of bacterial lysis zones; «–» – the absence of bacterial lysis zones.

отнесен к роду *Ghunavirus*, подсемейства Studiervirinae, семейства Autographiviridae, класса Caudo-
viricetes. Нуклеотидная последовательность фага *Dickeya phage* БИМ BV-99 Д депонирована
в ГенБанке NCBI под регистрационным номером PP566124.

Для расширения спектра литической активности препарата «Мультифаг-С» в его состав, кроме
Dickeya phage БИМ BV-99 Д, введены бактериофаги *Xanthomonas phage* БИМ BV-100 Д и *Pseudo-
monas phage* БИМ BV-101 Д (табл. 2).

Биологическая эффективность биопрепарата «Мультифаг-С» против фитопатогенных бакте-
рий – возбудителей мокрой гнили, черной бактериальной пятнистости, некроза сердцевины
стебля составила 59–69 %, а прибавка урожая экологически чистой продукции томата – 29–33 %.

Проведенные исследования показали, что для обеспечения комплексной защиты растений от
болезней бактериальной и грибной этиологии целесообразно введение в состав биопрепарата
композиции бактериофагов с бактериями-антагонистами (табл. 3).

Так, при условии комбинации бактериофагов *Pseudomonas phage* P11, *Xanthomonas phage* X69
с бактериями *Bacillus licheniformis* 25, характеризующихся высокой антифунгальной активностью,
биологическая эффективность препарата «БацИФагКомпозит» против бактериозов составляет
50,0–53,3 %, против корневых и прикорневых гнилей – 60,6–66,9 %.

Заключение. Выделены, идентифицированы и изучены штаммы бактериофагов фитопатоген-
ных бактерий *Pseudomonas*, *Xanthomonas* и *Dickeya* с высокой литической активностью. На осно-
вании результатов молекулярно-генетического анализа в геномах исследуемых культур установ-
лено наличие детерминант, кодирующих белки репликации фаговой ДНК, а также белки, ответ-
ственные за литическую активность (лизоцим, холин, эндолизин). Отсутствие генов, определяющих
лизогенный цикл, и высокая вирулентность в отношении целевых фитопатогенов подтверждают
перспективность и безопасность выделенных культур в качестве потенциальных агентов биологи-
ческой защиты растений от болезней. Доказана целесообразность комбинирования различных
штаммов бактериофагов для обеспечения комплексного контроля возбудителей бактериозов
и снижения рисков развития резистентности патогенов. Показано, что биопрепараты «Мульти-
фаг» и «Мультифаг-С», созданные на основе консорциумов бактериофагов, характеризуются вы-
сокой биологической эффективностью в отношении фитопатогенных бактерий (50–69 %), тогда
как биопрепарат «БацИФагКомпозит» на основе композиции бактериофагов с бактериями-антаго-
нистами проявляет комплексную активность и предназначен для контроля широкого спектра воз-
будителей болезней бактериальной и грибной этиологии. Его биологическая эффективность про-
тив бактериозов составляет 50,0–53,3 %, корневых и прикорневых гнилей – 60,6–66,9 %. Сово-
купность полученных данных служит убедительным подтверждением целесообразности более
широкого использования в фитозащитных мероприятиях экологически безопасных препаратов на
основе бактериофагов фитопатогенных бактерий.

Список использованных источников

1. Лазарев, А. М. Методические рекомендации по изучению бактериальных болезней томата и мерам борьбы с ними / А. М. Лазарев, Г. А. Быкова. – СПб., 2003. – 29 с.
2. Черная бактериальная пятнистость томатов в России / К. П. Корнев, Е. В. Матвеева, Э. Ш. Пехтерева [и др.] // Защита и карантин растений. – 2010. – № 5. – С. 48–49.
3. *Dickeya* species: an emerging problem for potato production in Europe / I. K. Toth, J. M. van der Wolf, G. Saddler [et al.] // Plant Pathology. – 2011. – Vol. 60, N 3. – P. 385–399. <https://doi.org/10.1111/j.1365-3059.2011.02427.x>
4. Bacteriophages and bacterial plant diseases / C. Buttner, O. McAuliffe, R. P. Ross [et al.] // Frontiers in Microbiology. – 2017. – Vol. 8. – Art. 34. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.00034>
5. Biolys: smart bacteriophage mixes // APS Biocontrol. – URL: <https://www.apsbiocontrol.com> (date of access: 01.03.2026).
6. Jackson, L. E. Bacteriophage: A viable bacteria control solution / L. E. Jackson, J. B. Jones // First International Symposium on Tomato Diseases. – Orlando, 2004. – P. 109–118. <https://doi.org/10.17660/ActaHortic.2005.695.12>
7. Биологические средства защиты растений // ООО «Центр биотехника». – URL: <http://www.centrbio.com> (дата обращения: 01.03.2026).
8. Викторов, Д. А. Усовершенствование методов выделения, идентификации и индикации бактерий *Pseudomonas putida*: автореф. дис. ... канд. биол. наук / Викторов Денис Александрович; Ульяновская госуд. с.-х. акад. – Саратов, 2011. – 22 с.
9. Characterization of bacteriophages against *Pseudomonas syringae* pv. *actinidiae* with potential use as natural antimicrobials in kiwifruit plants / O. Flores, J. Retamales, M. Núñez [et al.] // Microorganisms. – 2020. – Vol. 8, N 7. – Art. 974. <https://doi.org/10.3390/microorganisms8070974>

10. Некоторые новые методы количественного учета почвенных микроорганизмов и изучения их свойств: метод. рекомендации / Всесоюз. акад. с.-х. наук, Всесоюз. науч.-исслед. ин-т с.-х. микробиологии. – Л., 1987. – 53 с.
11. Пилипчук, Т. А. Бактериофаги фитопатогенных бактерий *Pseudomonas syringae*: свойства, культивирование, применение: автореф. дис. ... канд. биол. наук / Пилипчук Татьяна Андреевна; Ин-т микробиологии НАН Беларуси. – Минск, 2023. – 24 с.
12. ViPTree: the viral proteomic tree server / Y. Nishimura, T. Yoshida, M. Kuronishi [et al.] // *Bioinformatics*. – 2017. – Vol. 33, N 15. – P. 2379–2380. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btx157>
13. Magill, D. J. Genomic hypervariability of phage Andromeda is unique among known dsDNA viruses / D. J. Magill, L. A. Kulakov, T. A. Skvortsov // *bioRxiv*. – URL: <https://www.biorxiv.org/content/10.1101/619015v4.full> (date of access: 09.11.2022).
14. Isolation of new *Pseudomonas tolaasii* bacteriophages and genomic investigation of the lytic phage BF7 / E. Sajben-Nagy, G. Maróti, L. Kredics [et al.] // *FEMS Microbiology Letters*. – 2012. – Vol. 332, N 2. – P. 162–169. <https://doi.org/10.1111/j.1574-6968.2012.02592.x>

References

1. Lazarev A. M., Bykova G. A. *Methodological Recommendations for the Study of Bacterial Diseases of Tomatoes and Measures to Combat Them*. St. Petersburg, 2003. 29 p. (in Russian).
2. Kornev K. P., Matveeva E. V., Pekhtereva E. Sh., Polityko V. A., Ignatov A. N., Punina N. V. Black bacterial spot of tomatoes in Russia. *Zashchita i karantin rastenii* = *Plant Protection and Quarantine*, 2010, no. 5, pp. 48–49 (in Russian).
3. Toth I. K., van der Wolf J. M., Saddler G., Lojkowska E., Hélias V., Pirhonen M., Tsror (Lahkim) L., Elphinstone J. G. *Dickeya* species: an emerging problem for potato production in Europe. *Plant Pathology*, 2011, vol. 60, no. 3, pp. 385–399. <https://doi.org/10.1111/j.1365-3059.2011.02427.x>
4. Buttmer C., McAuliffe O., Ross R. P., Hill C., O'Mahony J., Coffey A. Bacteriophages and bacterial plant diseases. *Frontiers in Microbiology*, 2017, vol. 8, art. 34. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.00034>
5. Biolyse: smart bacteriophage mixes. *APS Biocontrol*. Available at: <https://www.apsbiocontrol.com> (accessed 01 March 2026).
6. Jackson L. E., Jones J. B. Bacteriophage: A viable bacteria control solution. *First International Symposium on Tomato Diseases*. Orlando, 2004, pp. 109–118. <https://doi.org/10.17660/ActaHortic.2005.695.12>
7. Biological plant protection products. *Center Biotechnika*. Available at: <http://www.centrbio.com> (accessed 01 March 2026) (in Russian).
8. Viktorov D. A. *Improvement of methods for isolation, identification and inactivation of Pseudomonas putida bacteria*: Ph. D. thesis. Saratov, 2011. 22 p. (in Russian).
9. Flores O., Retamales J., Núñez M., León M., Salinas P., Besoain X., Yañez C., Bastías R. Characterization of bacteriophages against *Pseudomonas syringae* pv. *actinidiae* with potential use as natural antimicrobials in kiwifruit plants. *Microorganisms*, 2020, vol. 8, no. 7, art. 974. <https://doi.org/10.3390/microorganisms8070974>
10. *Some new methods of quantitative accounting of soil microorganisms and the study of their properties: methodological recommendations*. Leningrad, 1987. 53 p. (in Russian).
11. Pilipchuk T. A. *Bacteriophages of phytopathogenic bacteria Pseudomonas syringae: properties, cultivation, application*: Ph. D. thesis. Minsk, 2023. 24 p. (in Russian).
12. Nishimura Y., Yoshida T., Kuronishi M., Uehara H., Ogata H., Goto S. ViPTree: the viral proteomic tree server. *Bioinformatics*, 2017, vol. 33, no. 15, pp. 2379–2380. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btx157>
13. Magill D. J., Kulakov L. A., Skvortsov T. A. Genomic hypervariability of phage Andromeda is unique among known dsDNA viruses. *bioRxiv*. Available at: <https://www.biorxiv.org/content/10.1101/619015v4.full> (accessed 09 November 2022).
14. Sajben-Nagy E., Maróti G., Kredics L., Horváth B., Párducz Á., Vágvölgyi C., Manczinger L. Isolation of new *Pseudomonas tolaasii* bacteriophages and genomic investigation of the lytic phage BF7. *FEMS Microbiology Letters*, 2012, vol. 332, no. 2, pp. 162–169. <https://doi.org/10.1111/j.1574-6968.2012.02592.x>

Информация об авторах

Коломиец Эмилия Ивановна – академик, д-р биол. наук, профессор, генеральный директор. E-mail: kolomiets@biotech.bas-net.by.

Мандрик-Литвинкович Марина Николаевна – канд. биол. наук, доцент, заведующий лабораторией. E-mail: mandryk@biotech.bas-net.by.

Пилипчук Татьяна Андреевна – канд. биол. наук, заведующий лабораторией. E-mail: pilipchuk@biotech.bas-net.by.

Купцов Владислав Николаевич – канд. с.-х. наук, заведующий лабораторией. E-mail: kuptsov@hotmail.com.

Information about the authors

Kolomiets Emilia I. – Academician, D. Sc. (Biology), Professor, General Director. E-mail: kolomiets@biotech.bas-net.by.

Mandryk-Litvinkovich Maryna N. – Ph. D. (Biology), Associated Professor, Head of the Laboratory. E-mail: mandryk@biotech.bas-net.by.

Pilipchuk Tatyana A. – Ph. D. (Biology), Head of the Laboratory. E-mail: pilipchuk@biotech.bas-net.by.

Kuptsov Vladislav N. – Ph. D. (Agrarian), Head of the Laboratory. E-mail: kuptsov@hotmail.com.