

АНОТАЦІЯ

Мікробіологічними, вірусологічними, генетичними та статистичними методами охарактеризовано бактеріофаги Eir4 та Eisa9. У ході роботи було визначено спектр хазяїв досліджуваних бактеріофагів, визначено їх біологічні властивості, морфологію, проаналізовано нуклеотидні послідовності геномів та визначено еволюційні зв'язки Eir4 та Eisa9 з іншими бактеріофагами.

Обидва фаги мали здатність викликати лізис різних ізолятів *P. syringae pv. tomato* та кількох інших близькоспоріднених штамів, що належать до родів *Pseudomonas* і *Xanthomonas*. Біологічні властивості, а саме константа адсорбції та стабільність до дії різних показників температури та рН не були суттєво відмінними від тих, що зареєстровані для інших бактеріофагів, що уражують представників родини *Pseudomonas*. Аналіз геному показав, що Eir4 і Eisa9 були досить схожими з точки зору довжини геному, вмісту GC-пар, числа та функцій ORF. Наявність ORF, що кодує ДНК-залежну РНК-полімеразу в обох геномах, дозволяє класифікувати дані бактеріофаги як представників родини *Autographiviridae*. Найбільший відсоток подібності нуклеотидних послідовностей бактеріофаги Eir4 і Eisa9 мали з фагами 17A (91%) та PollyC (67-68%) відповідно. За таксономічним положенням бактеріофаг Eir4 належить до роду *Ghuvavirus*, тоді як таксономічне положення Eisa9 потребує подальших досліджень.

Кваліфікаційна робота викладена на 41 сторінці, ілюстрована 3 таблицями та 6 рисунками. Список використаних джерел включає 79 робіт.

Ключові слова: бактеріофаг, *Pseudomonas*, *Xanthomonas*, *P. syringae pv. tomato*, *Autographiviridae*, фітопатогени.