

Молекулярно-генетическая идентификация растения, используемого для поддержания коллекционных грибов арбускулярной микоризы, и проблема недостаточности данных в базе NCBI

© Калинина¹ Анастасия Евгеньевна, Кудряшова¹⁺ Татьяна Руслановна,
Филатов¹ Павел Викторович, Крюков²⁺ Алексей Анатольевич,
Юрков^{2*} Андрей Павлович

¹ Санкт-Петербургский политехнический университет Петра Великого. ул. Политехническая, 29.
г. Санкт-Петербург, 194064. Россия. Тел.: +7 (927) 735-95-72. E-mail: 7359572@mail.ru

² Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии». Шоссе Подбельского, 3. г. Пушкин, 196608. Россия. Тел.: +7 (962) 700-14-43.
E-mail: yurkovandrey@yandex.ru

*Ведущий направление; +Поддерживающий переписку

Ключевые слова: *Plectranthus*, грибы арбускулярной микоризы, молекулярно-генетическая идентификация.

Аннотация

Грибы арбускулярной микоризы культивируются в лаборатории экологии симбиотических и ассоциативных ризобактерий Всероссийского научно-исследовательского института сельскохозяйственной микробиологии на растении-хозяине (предположительно *Plectranthus australis*). В ходе проведенных ранее исследований вид растения-хозяина был поставлен под сомнение в связи с отсутствием в результатах секвенирования на Illumina MiSeq микоризованных корней собственно ДНК *P. australis* при использовании универсальных праймеров для региона ITS1-5.8SRNA-ITS2. В работе представлены результаты идентификации растения-хозяина, включая: модификацию методики выделения ДНК из растительного материала; оценку качества выделенной ДНК; постановку ПЦР; повторное секвенирование растительного материала методом Сэнгера и таксономический анализ.

Получены три ампликона с трех отдельных образцов листьев изучаемого микоризованного растения для региона ITS1-5.8SRNA-ITS2. Полученные последовательности совпали с результатами секвенирования Illumina MiSeq. Анализ результатов последовательности (BLAST) по данным Генбанка NCBI указал на схожесть с *Dauphinea brevilabra* (изолят K9314) почти 91%. При этом сходство с *Plectranthus* оказалось ниже. Низкий процент указывает на высокую вариабельность последовательностей внутри исследуемого и близкородственных родов, а также на отсутствие результатов секвенирования, как самого *Plectranthus australis*, так и близких видов в базе NCBI. По данным генетического анализа, при текущей наполненности базы NCBI исследуемое растение нельзя отнести к одному из родов *Plectranthus* или *Dauphinea*, или к какому-либо другому роду. Таким образом, следует относить исследуемое растение к виртуальному таксону, возможно новому роду. В ходе исследований показано, что основную проблему для анализа данных представляет незначительное количество в Генбанке NCBI данных по видам рода *Plectranthus*, а для морфологической идентификации проблему составляет отсутствие фазы цветения растения в стандартных вегетационных условиях, что необходимо для точной оценки исследуемого растения по генеративным органам.

Выходные данные для цитирования русскоязычной версии статьи:

Калинина А.Е., Кудряшова Т.Р., Филатов П.В., Крюков А.А., Юрков А.П. Молекулярно-генетическая идентификация растения, используемого для поддержания коллекционных грибов арбускулярной микоризы, и проблема недостаточности данных в базе NCBI. *Бутлеровские сообщения*. 2022. Т.69. №3. С.125-130. DOI: 10.37952/ROI-jbc-01/22-69-3-125.

или

Anastasia E. Kalinina, Tatiana R. Kudryashova, Pavel V. Filatov, Alexey A. Krukov, Andrey P. Yurkov. Molecular genetic identification of the plant used for cultivation of arbuscular mycorrhiza fungi in collection and the problem of insufficient data in the NCBI database. *Butlerov Communications*. 2022. Vol.69. No.3. P.125-130. DOI: 10.37952/ROI-jbc-01/22-69-3-125. (Russian).