

## Углеводородный профайлинг как дополнительный инструмент в установлении филогенетического положения фомоидных микромицетов

Научный руководитель – Сокорнова Софья Валерьевна

*Гусенков Евгений Аюбович*

*Студент (магистр)*

Санкт-Петербургский государственный технологический институт (технический университет), Санкт-Петербург, Россия

*E-mail: Gusenkovevgenij@gmail.com*

Фомоидные микромицеты можно рассматривать как безопасные и эффективные средства борьбы с опасной сорной растительностью. Однако выбор конкретных штаммов в качестве биогербицидов затруднён ввиду сложности их идентификации: например, при утрате спороношения, малом количестве данных в базе NCBI и т.д.[1] Общая характеристика штаммов может быть успешно дополнена их биохимическим профилем.

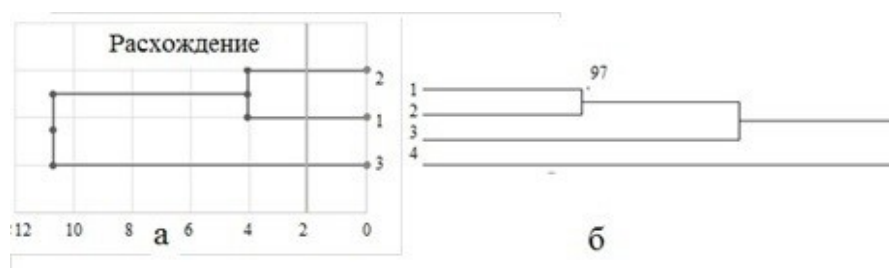
В работе был проведен филогенетический анализ ДНК-последовательностей (MEGA 7.0) и анализ углеводного профиля штаммов фомоидных грибов из коллекции ФГБНУ ВИЗР (данные газовой хроматографии с масс детектором глубинного мицелия штаммов), являющихся потенциальными микогербицидами, а именно *Calophoma complanata* 32-121, *Didymella macrostoma* 32-52 и *Stagonospora circii* C-211.

Проведённый многофакторный анализ выявил взаимосвязь между филогенетическим положением фомоидных микромицетов и их углеводородным профилем. Кластеризация видов фомоидных микромицетов, проведенная по углеводному профайлингу и по ДНК-последовательности внутренних транскрибируемых спейсеров, дает сходную картину (рисунок 1). Данные могут быть использованы как для уточнения систематического положения штаммов, так и для прогнозирования биохимической характеристики мицелия фомоидных микромицетов.

### Источники и литература

- 1) Bailey K., Boyetchko S., Langle T. Biological control: theory and application in pest management. 2010. Т. 52. № 3. С. 221-229. ISSN 1049-9644

### Иллюстрации



**Рис. 1.** Расхождение между штаммами фомоидных микромицетов (1 – *Calophoma complanata*; 2 – *Didymella macrostoma*; 3 – *Stagonospora circii*; 4 – *Boeremia exigia*): а – дендрограмма, построенная Ward's методом, Евклидово расстояние рассчитано по углеводному профайлингу штаммов с помощью надстройки XLStat (Addinsoft); б – филогенетическое древо, построенное по локусу внутренних транскрибируемых спейсеров (ITS1, ITS4) методом максимального правдоподобия на основе 500 реплик бутстрэпа. в программе Mega 7.0