

## ИССЛЕДОВАНИЕ ПРАЙМЕРНЫХ СИСТЕМ, РАЗРАБОТАННЫХ НА УЧАСТОК 16S-23S ГЕНА ДНК, ДЛЯ ВЫЯВЛЕНИЯ И ИДЕНТИФИКАЦИИ ФИТОПЛАЗМ

**Матяшова Г.Н.<sup>1,2</sup>, Мазурин Е.С.<sup>1</sup>, Заец В.Г.<sup>2</sup>, Камаев И.О.<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>ФГБУ Всероссийский центр карантина растений, Московская обл.;

<sup>2</sup>ФГАОУ ВО Российский университет дружбы народов, Москва, Россия

*galine1988@yandex.ru*

Фитоплазмы (*Candidatus Phytoplasma*) – слабо изученные микроорганизмы – возбудители болезней многих культурных растений. Их идентификация осложнена тем, что они не растут на питательных средах, сезонно мигрируют в органах растений, в жизненном цикле имеют латентные периоды. По некоторым свойствам клетки фитоплазм сходны с клетками грамположительных бактерий. Для точного выявления и идентификации фитоплазм применяют молекулярно-генетические методы на основе участка 16S-23S генов рибосомальной ДНК.

В настоящей работе проводили сравнительный анализ праймерных систем fU5/rU3 (Lorenz, 1995), M23Sr/16r758f (Gibb, 1995) и P1ATT/P625r («Q-bank», 2012), разработанных на участок 16S-23S генов, для выявления и идентификации фитоплазм при помощи секвенирования. Исследовали растительный материал, собранный на территории Российской Федерации, Франции и Испании. Методом ПЦР и «nested»-ПЦР получали ампликоны, которые генетически анализировали путем секвенирования по Сэнгеру. Последовательности ДНК сравнивали с данными генетической базы NCBI.

Было установлено, что среди трех пар праймеров fU5/rU3 позволяет наиболее точно определить видовую принадлежность фитоплазм (высокие проценты покрытия и идентификации по NCBI), не давая при этом ложноположительных результатов. Пара праймеров M23Sr/16r758f дает возможность идентифицировать все целевые виды фитоплазм, но при ее исследовании были выявлены перекрестные реакции с грамположительными. При проведении ПЦР с праймерами P1ATT/P625r удалось получить результаты секвенирования в двух случаях из восьми.

С помощью данных пар праймеров были выявлены и идентифицированы следующие возбудители фитоплазмозов на растениях: винограда – *Ca. Ph. solani*, груши – *Ca. Ph. pyri*, (респ. Дагестан, Россия), малины - *Ca. Ph. rubi*, бодяка – *Ca. Ph. asteris*, одуванчика – *Ca. Ph. taraxacum*, кактуса – *Cactus «witches-broom» phytoplasma* (Московская обл., Россия); яблони - *Ca. Ph. mali* (Валенсия, Испания), винограда – *Ca. Ph. vitis* (Монпелье, Франция).

## КОЛИЧЕСТВЕННЫЙ СОСТАВ ЭПИФИТНОЙ МИКРОБИОТЫ РАСТЕНИЙ *ARTEMISIA NITROSA* WEB. И *ARTEMISIA SAISOLOIDES* WILLD

**Меликян А.А.**

ФГАОУ ВПО Волгоградский государственный университет, Волгоград, Россия

*melikyan.anushka@yandex.ru*

Изучение взаимоотношений микроорганизмов с растениями представляет научный интерес как с практической, так и с теоретической точки зрения. Меловые горы на р. Дон – это территория произрастания эндемичных растений - кальцефитов, эпифитная микрофлора которых остается неизученной. Как известно, степные экосистемы характеризуются повышенной уязвимостью при минимальной антропогенной нагрузке, поэтому необходимо проводить анализ состава микрофлоры растений с точки зрения экологического мониторинга. В связи с этим, целью настоящей работы является изучение микрофлоры растений *Artemisia nitrosa* Web. и *Artemisia salsoloides* Willd, произрастающих на территории Волгоградской области.

В ходе работы установлен количественный состав эпифитных микроорганизмов (микромикетов, бактерий, усваивающих органический азот и использующих минеральные формы азота) филлосферы и ризосферы *Artemisia nitrosa* Web. *Artemisia salsoloides* Willd. Было отмечено, что ризосфера представлена в большем количестве бактериями, использующими минеральные формы азота, чем усваивающими органический азот. Численность микроорганизмов, усваивающих минеральный азот, указывает на интенсивность процессов