Molecular-genetic identification of arbuscular mycorrhiza fungi from Teberda natural reserveKryukov A.A.¹, Gorbunova A.O.^{1,2}, Kurbanniyazov Sh.K.², Mikhaylova Yu.V.³,Rodionov A.V.^{2,3}, Shishova M.F.², Zhurbenko P.M.³, Yurkov A.P.¹¹All-Russia Research Institute for Agricultural Microbiology, St. Petersburg, Russia; ²Saint Petersburg State University, St. Petersburg, Russia; ³Komarov Botanical Institute, Saint-Petersburg, Russia

E-mail: rainniar@rambler.ru

Key message. Arbuscular mycorrhiza fungi of soil samples from North Caucasus were identified via Illumina Miseq and universal primers for ITS region. It was shown, that both ITS1 and ITS2 are necessary for identification.**Keywords:** soil microbiome, arbuscular mycorrhiza, symbiogenetics, barcoding, *Glomeromycotina*

Arbuscular mycorrhiza (AM) fungi form a symbiosis with the most species of terrestrial plants, which lead to the increase in nutrition of host plants and improving adaptation to drought and salinization. Despite its significance, a major part of AM fungi has been not identified and corresponded to cryptic taxa. We carried out the identification of AM fungi from soil and plant roots collected in Teberda Nature Reserve via Illumina Miseq. Universal primers were used: three common (ITS5, ITS3, ITS4) and one (5'-CGTTCAAAGATTCGATGATTCAC-3') we developed as the reverse for ITS1 region. Data analysis was carried out using USEARCH and MEGA7 software. There were on an average up to 20 OTUs of AM fungi per sample, which were assigned to several taxa. Obtained OTUs shown high variability in length and nucleotide polymorphism. Identification based on the entire ITS region (with the mixture of primers for ITS1 and ITS2) were more efficient than identification based on only ITS1 or ITS2 region. The most of OTUs belongs to the Glomerales order (mainly to the genus *Rhizophagus*). OTUs from *Diversisporales* and *Archaeosporales* are often not possible to identify to species level and assigned to virtual taxa. Identification of AM fungi by NGS methods together with an assessment of their symbiotic efficiency and a development of the collection of ARRIAM with new effective isolates will promote their practical application in agriculture of the Russian Federation.

The research was supported by RFBR (19-29-05275, and partly 20-016-00245, 18-016-00220).

Молекулярно-генетическая идентификация грибов арбускулярной микоризы Тебердинского заповедникаКрюков А.А.¹, Горбунова А.О.^{1,2}, Курбанниязов Ш.К.², Михайлова Ю.В.³,Родионов А.В.^{2,3}, Шишова М.Ф.², Журбенко П.М.³, Юрков А.П.¹¹Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии, Санкт-Петербург, Россия; ²Санкт-Петербургский государственный университет, Санкт-Петербург, Россия; ³Ботанический институт им. В.Л.Комарова, Санкт-Петербург, Россия**Аннотация.** С помощью Illumina Miseq и универсальных праймеров на ITS регион проведена идентификация грибов арбускулярной микоризы из почв Северного Кавказа. Выявлена необходимость анализа как ITS1, так и ITS2.**Ключевые слова:** микробиом почв, арбускулярная микориза, симбиогенетика, баркодирование, *Glomeromycotina*

Известно, что грибы арбускулярной микоризы (АМ), формируя симбиоз с большинством видов наземных растений, способствуют усилению их питания, повышению адаптации к засухе и засолению. Несмотря на значимость, в настоящее время значительная часть АМ грибов не идентифицирована и является криптическими таксонами. Нами проведена идентификация АМ грибов из почв и корней растений Тебердинского заповедника с применением Illumina Miseq и универсальных праймеров (ITS5, ITS3, ITS4 и разработанный нами на участок ITS1 (CGTTCAAAGATTCGATGATTCAC)). Анализ результатов проведен с помощью USEARCH и MEGA7. На образец определяется в среднем до 20 OTUs АМ грибов относимых обычно к нескольким таксонам. Длина и полиморфизм OTUs значительно варьирует. Показана более высокая эффективность идентификации по всему ITS региону (при использовании смеси праймеров на участки ITS1 и ITS2) при сравнении с идентификацией только по ITS1 или ITS2. Значительная часть OTUs относится к порядку Glomerales (большая часть к роду *Rhizophagus*), в то время как, OTU *Diversisporales* и *Archaeosporales* часто не определяются до вида и должны быть отнесены к виртуальным таксонам. Идентификация АМ грибов методами NGS с сопутствующей оценкой симбиотической эффективности и пополнением коллекции ФГБНУ ВНИИСХМ новыми эффективными изолятами будет способствовать их практическому внедрению в сельское хозяйство РФ.

Работа была поддержана РФФИ (19-29-05275, и частично 20-016-00245, 18-016-00220).