

- Выделение ДНК с использованием лизирующего буфера (на основе Tris Base, EDTA, SDS).
- Амплификации интересующего региона рДНК с использованием соответствующих праймеров
- Секвенирование нуклеотидной последовательности (область ITS + D1-D3 домены LSU рДНК).
- Идентификация культур грибов на уровне вида с использованием данных и инструментария генбанка NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov>) и MycoID (<http://www.mycobank.org>).
- Депонирование полученных нуклеотидных последовательностей в генбанк NCBI.