

- Выделение ДНК с использованием лизирующего буфера (на основе Tris Base, EDTA, SDS).
- Амплификация интересующего региона ДНК с использованием праймеров ITS1f (5'- CTT GGT CAT TTA GAG AAG TA) и NL4 (5'- GGT CCG TGT TTC AAG ACG G).
- Секвенирование нуклеотидной последовательности ITS региона и/или D1/D2 доменов LSU рДНК.
- Анализ результатов секвенирования и идентификация культур дрожжей 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.