

- Выделение геномной ДНК по методу Вильсона (Wilson, 1997).
- Амплификация гена 16S рРНК с использованием универсальных эубактериальных праймеров 27f (5'-AGAGTTTGATCCTGGCTCAG-3') и 1525r (5'-AAGGAGGTGATCCAGCC-3') (Weisburg *et al.*, 1991).
- Амплификация фрагментов генов β -субъединицы ДНК-гиразы (*gyrB*), рекомбиназы А (*recA*), β -субъединицы РНК-полимеразы (*rpoB*) и полифосфаткиназы (*ppk*) с использованием специфических праймеров, описанных в работах по конкретным группам (например, Jacques *et al.*, 2012).
- Секвенирование нуклеотидных последовательностей
- Филогенетический анализ и построение дендрограмм с использованием программы MEGA 6 (Tamura *et al.*, 2013).
- Вычисление попарного сходства между последовательностями с помощью веб-ресурса EzBioCloud (Yoon *et al.*, 2017).

Литература

1. Jacques M.A., Durand K., Orgeur G., Balidas S., Fricot C., Bonneau S., Quillevere A., Audusseau C., Olivier V., Grimault V., Mathis R. Phylogenetic analysis and polyphasic characterization of *Clavibacter michiganensis* strains isolated from tomato seeds reveal that nonpathogenic strains are distinct from *C. michiganensis* subsp. *michiganensis* // Appl. Environ. Microbiol. – 2012. – V. 78. – № 23. – P. 8388–8402.
2. Tamura K., Stecher G., Peterson D., Filipowski A., Kumar S. MEGA 6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 6.0 // Mol. Biol. Evol. – 2013. – V. 30. – P. 2725–2729.
3. Weisburg W.G., Barns S.M., Pelletier D.A. 16S ribosomal DNA amplification for phylogenetic study // J. Bacteriol. – 1991. – V. 173. – № 2. – P. 697–703.
4. Wilson K. Preparation of genomic DNA from bacteria. In: Current protocols in molecular biology / F.M. Ausubel *et al.* – John Wiley and Sons. Inc. – 1997. – 2.4.1.–2.4.5.
5. Yoon S.H., Ha S.M., Kwon S., Lim J., Kim Y., Seo, H., Chun J. Introducing EzBioCloud: A taxonomically united database of 16S rRNA and whole genome assemblies // Int. J. Syst. Evol. Microbiol. – 2017. – V. 67. – № 5. – P. 1613–1617.