

Научная статья

УДК 579.69

DOI: 10.18577/2307-6046-2026-0-4-183-192

ИДЕНТИФИКАЦИЯ КОЛЛЕКЦИИ МИЦЕЛИАЛЬНЫХ ГРИБОВ НИЦ «КУРЧАТОВСКИЙ ИНСТИТУТ» – ВИАМ МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИМИ МЕТОДАМИ Часть 1

А.А. Кривушина¹, В.О. Старцев¹

¹Федеральное государственное унитарное предприятие «Всероссийский научно-исследовательский институт авиационных материалов» Национального исследовательского центра «Курчатовский институт», Москва, Россия; admin@viam.ru

Аннотация. Проведена таксономическая идентификация штаммов мицелиальных грибов коллекции НИЦ «Курчатовский институт» – ВИАМ с помощью молекулярно-генетических методов. Таксономическая классификация осуществлена в Курчатовском геномном центре с помощью двух подходов: анализ геномных сигнатур и полноценный филогенетический анализ по 255 маркерным однокопийным генам эукариот. Представлены данные молекулярной идентификации штаммов следующих таксонов: порядок *Glomerellales*, род *Colletotrichum*; семейство *Pleosporaceae*; роды *Curvularia* и *Alternaria*, род *Aspergillus* и представители новых порядков класса *Sordariomycetes*.

Ключевые слова: биоповреждения, таксономическая идентификация, коллекция микроорганизмов, микроорганизмы-деструкторы, микробиологическая стойкость, микробиологические повреждения, микромицеты, молекулярная диагностика, секвенирование, филогенетический анализ

Для цитирования: Кривушина А.А., Старцев В.О. Идентификация коллекции мицелиальных грибов НИЦ «Курчатовский институт» – ВИАМ молекулярно-генетическими методами. Часть 1 // Труды ВИАМ. 2026. № 4 (158). С. 183–192. URL: <http://www.viam-works.ru>. DOI: 10.18577/2307-6046-2026-0-4-183-192.

Scientific article

IDENTIFICATION OF THE MYCELIAL FUNGI COLLECTION OF NRC «KURCHATOV INSTITUTE» – VIAM BY MOLECULAR GENETIC METHODS Part 1

A.A. Krivushina¹, V.O. Startsev¹

¹Federal State Unitary Enterprise «All-Russian Scientific-Research Institute of Aviation Materials» of National Research Center «Kurchatov Institute», Moscow, Russia; admin@viam.ru

Abstract. The taxonomic identification of mycelial fungal strains from the collection of the NRC «Kurchatov Institute» – VIAM was carried out using methods of genome-wide taxonomy. The taxonomic classification was performed at the Kurchatov Genomic Center using two approaches: genomic signature analysis and a full-fledged phylogenetic analysis of 255 marker single-copy eukaryotic genes. This article presents data from phylogenetic analysis of strains based on sequences of universal eukaryotic marker genes of the following fungi: order *Glomerellales*, genus *Colletotrichum*; the family *Pleosporaceae*; the genera *Curvularia* and *Alternaria*, the genus *Aspergillus*, and representatives of new orders of the class *Sordariomycetes*.

Keywords: *biodeterioration, taxonomic identification, collection of microorganisms, destructive microorganisms, microbiological resistance, microbiological damage, micromycetes, molecular diagnostics, sequencing, phylogenetic analysis*

For citation: Krivushina A.A., Startsev V.O. Identification of the mycelial fungi collection of NRC «Kurchatov Institute» – VIAM by molecular genetic methods. Part 1. *Trudy VIAM*, 2026, no. 4 (158), pp. 183–192. Available at: <http://www.viam-works.ru>. DOI: 10.18577/2307-6046-2026-0-4-183-192.

Введение

Более 70 лет в ВИАМ ведутся исследования микробиологической стойкости различных материалов, которые включают постоянное выделение микрофлоры, заселяющей поверхность техники и технических изделий. За эти годы в институте накопена большая коллекция микроорганизмов-деструкторов и микроорганизмов-контаминантов материалов. Основная часть коллекции – это культуры микроскопических грибов, которые выделены с образцов материалов и элементов конструкций, проходящих испытания на микробиологических площадках в представительных климатических зонах. Кроме того, постоянно проводятся микробиологические анализы техники во время и после эксплуатации с признаками микробиологических повреждений. В этом случае культуры микроорганизмов-деструкторов выделяют непосредственно из очагов микробиологического поражения, а полученные штаммы представляют наибольший интерес для дальнейшего изучения их физиологических свойств, а также применения в лабораторных испытаниях микробиологической стойкости материалов и изделий [1–3].

Коллекция мицелиальных грибов часто применяется в исследованиях эффективности биоцидных препаратов, антисептиков и других средств борьбы с биоповреждениями. Культуры грибов-деструкторов также перспективны для создания средств переработки отходов и препаратов, применяемых для биоремедиации, т. е. представляют интерес в области экологии [4–8].

Еще до начала активного применения молекулярных методов таксономической идентификации микроорганизмов проводили с помощью атласов-определителей по внешним морфологическим признакам. К сожалению, этот метод крайне ненадежен, поскольку морфологические признаки многих видов нестабильны и изменчивы. Кроме того, атласы-определители микроскопических грибов включают ограниченное количество видов, хотя в реальности их в сотни раз больше. С началом применения методов секвенирования определение микроорганизмов вышло на новый уровень, который позволяет с высокой точностью идентифицировать культуру до вида.

Цель работы – таксономическая идентификация культур мицелиальных грибов депозитария НИЦ «Курчатовский институт» – ВИАМ с помощью методов секвенирования.

Материалы и методы

Проведена реизоляция 200 культур мицелиальных грибов из замороженных и лиофилизированных препаратов, хранящихся в депозитарии НИЦ «Курчатовский институт» – ВИАМ, путем высева инокулюма на поверхность питательной среды сусло-агар. Чашки Петри с инокулюмом заклеивали парафильмом и помещали на инкубацию в термостаты с температурой 28 °С на 10–14 дней. После инкубации проверяли идентичность и чистоту культур, при необходимости повторяли процедуру пересевов на новые чашки Петри с питательной средой.

Молекулярную диагностику проводили в Курчатовском геномном центре с помощью двух подходов: анализ геномных сигнатур и полноценный филогенетический анализ по 255 маркерным однокопийным генам эукариот.

Для выделения геномной ДНК с культур на чашках Петри с помощью шпателя делали соскоб площадью 1,5 см². Материал со шпателя без дополнительных обработок помещали в пробирку для дальнейшей гомогенизации. Экстракцию ДНК проводили с помощью набора реагентов для выделения суммарной ДНК из человеческого кала на автоматической станции выделения нуклеиновых кислот.

Процедура выделения ДНК включала следующие этапы:

- механический и химический лизис образца;
- связывание ДНК с *silica*-мембраной спин-колонки;
- промывка связанной ДНК;
- перенос ДНК с колонки в водный раствор.

Механическую гомогенизацию проводили в течение 3 циклов по 1 мин 30 с в режиме 6 M/s в пробирках с гомогенизирующими шариками на приборе BioPrep-24.

Далее проводили оценку качества и количества полученной ДНК, для очищенной ДНК из культур на чашках Петри приготовлены библиотеки для секвенирования, для которых осуществлена оценка качества и количества. После проведена биоинформативная обработка данных, включающая подготовку и контроль качества геномных прочтений и *de novo* сборку геномов.

Результаты и обсуждение

В настоящее время секвенирование нового поколения (Next Generation Sequencing (NGS)) является предпочтительным методом анализа образцов чистых культур из коллекций микроорганизмов. Использование полногеномного подхода позволяет провести точную таксономическую идентификацию с помощью филогенетического анализа маркерных генов и/или сравнения с полными референтными геномами путем анализа состава *k*-меров или средней нуклеотидной/аминокислотной идентичности (Average Nucleotid/Amino acid Identity – ANI/AAI). Кроме того, *de novo* сборка данных NGS позволяет получить аннотированные сборки геномов и выявить ключевые метаболические пути исследуемых культур микроорганизмов.

Основной массив данных секвенирования получен с помощью технологий ДНК-наношариков и секвенирования путем гибридизации и лигирования специальных флуоресцентных зондов (Combinatorial Probe-Anchor Synthesis – cPAS), а также с использованием регулярной матричной проточной ячейки со специально активированными участками поверхности (рис. 1). Каждый активированный участок проточной ячейки сорбирует один шарик. При этом активированный участок упорядоченно располагается на проточной ячейке, гарантируя, что оптический сигнал различных наношариков не сможет прерваться при подаче других сигналов. Следовательно, повышается точность обработки сигналов.

В настоящее время в ряде работ продемонстрирована эффективность использования технологии ДНК-наношариков для геномных, метагеномных и транскриптомных исследований [9–11].

В ходе проведения экспериментальных работ для двух образцов не удалось получить достаточного количества прочтений. Данные образцы пересеквенированы с использованием технологии Illumina, считающейся золотым стандартом для полногеномных исследований.

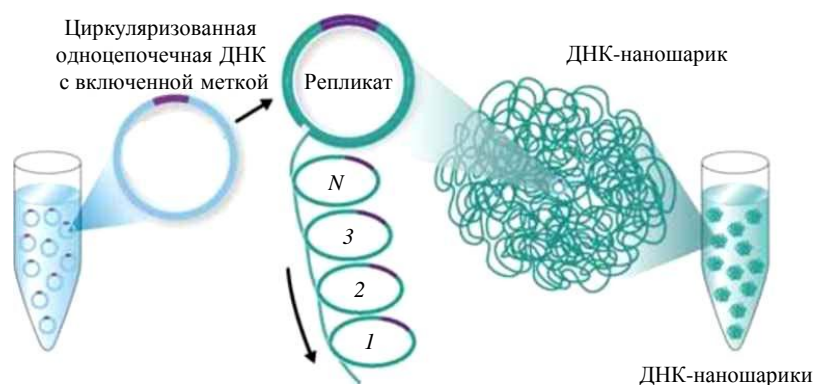


Рис. 1. Схема клональной амплификации, осуществляемой при секвенировании с использованием технологии ДНК-наношариков

Классификация с помощью анализа геномных сигнатур, полученных с геномных контигов

Первичная классификация выполнена с использованием программы sourmash (ref), которая позволяет определить геномные сигнатуры образца. Геномная сигнатура – это набор уникальных k -меров ДНК и частот их встречаемости, которые вместе представляют геномную характеристику образца. Для классификации использовали k -меры длиной 31 нуклеотид. Определение геномных сигнатур ускоряет идентификацию исследуемых образцов грибов, а также имеет ряд преимуществ в части производительности и требований к ресурсам, в отличие от идентификации путем полногеномного выравнивания и с помощью консервативных однокопийных маркерных генов.

Полученные геномные сигнатуры в дальнейшем сравнивали с базой данных, включающей сигнатуры 10286 геномов грибов, доступных на март 2022 г. Идентификацию до уровня рода/вида проводили с использованием сигнатур с длиной k -мера, равной 31 нуклеотиду, и масштабированием в 1000 раз.

В результате биоинформатической обработки получены следующие результаты. В 43 образцах определена таксономическая принадлежность до вида, в 83 образцах – до рода. Остальные 74 образца, вероятно, относились к более глубоким ветвям, для которых в базах данных близкородственные геномы отсутствуют. По этой причине их таксономическая идентификация оказалась возможной только с помощью филогенетического анализа маркерных генов.

Классификация образцов с низкими показателями качества сборок с помощью анализа геномных сигнатур, полученных с прочтений

По результатам анализа количества и копийности маркерных генов 10 сборок охарактеризованы как сборки низкого качества по причине низкой полноты и/или высокой контаминации (образцы viam 026, viam 037, viam 097, viam 121, viam 133, viam 146, viam 169, viam 175, viam 205, viam 222). По этой причине анализ геномных контигов этих штаммов не дал положительного результата

Эти образцы проанализированы с использованием программы MetaPhlan версии 4.0, которая определяет состав микробных сообществ по данным shotgun-метагеномного секвенирования. Референсная база данных состоит из >5 млн уникальных кладоспецифичных маркерных генов, идентифицированных из ~1 млн референтных геномов. Преимущества программы позволяют устанавливать однозначные

таксономические присвоения, а также определять относительную численность организмов с меньшими вычислительными затратами, в отличие от аналогов [12]. По результатам анализа только в двух образцах идентифицированы микроорганизмы. По-видимому, это обусловлено новизной исследуемых таксонов и, как следствие, недостаточностью используемой базы пакета MetaPhlan 4.0.

Филогенетический анализ штаммов на основе последовательностей универсальных эукариотических маркерных генов

Для полученных геномов и геномов типовых штаммов грибов, доступных на 1 февраля 2024 г. в базе данных NCBI, определены последовательности 255 однокопийных эукариотических генов, используемых программой BUSCO [13] для оценки полноты геномных сборок. Аминокислотные последовательности выровнены программой MAFFT [14], затем конкатенированы для получения так называемой суперматрицы генов, которую обработали программой trimAl [15] для удаления участков выравнивания, неинформативных для последующего построения филогенетического древа. Полученное выравнивание использовано для филогенетической реконструкции программой FastTree [16] с использованием эволюционной модели де Гаскеля.

В результате 3 образца классифицированы на уровне вида, 164 – рода, 20 – семейства, 9 – порядка, 2 – подкласса, 1 – класса. Образец viam 205 не был идентифицирован, а его анализ показал наличие генетического материала двух значительно различающихся организмов.

Классификацию ряда образцов удалось улучшить методом полногеномного выравнивания относительно геномов из базы данных NCBI. В качестве критерия отнесения к одному виду стало значение ANI, равное 95 %. Значение ANI определено программой ani.rb с выравниванием с помощью программы BLAST и настройками по умолчанию. Образцы viam 178 и viam 221 отнесены к *Botrytis cinerea*, viam 226 – *Botrytis pseudocinerea*, viam 249 – *Daldinia eschscholtzii*, viam 048-1 – *Chaetomium globosum*.

Геном образца viam 199 на 93,7 % идентичен геному *Coniochaeta ligniaria*, однако это значение <95 % и необходимо детальное сравнение физиологии данных линий. Аналогично образец viam 40 отнесен к роду *Dichotomopilus*, чей представитель показал наибольшую геномную идентичность (91,4 %) среди всех доступных геномов семейства *Chaetomiaceae*.

С помощью анализа геномных сигнатур штаммы viam 012 и viam 244 классифицированы как представители рода *Colletotrichum*.

Более детальный филогенетический анализ подтвердил и уточнил полученный результат. На фрагменте общего филогенетического древа, приведенном на рис. 2, а, видно, что штамм viam 244 относится к виду *Colletotrichum siamense* (описанный растительный патоген). При этом глубина ветви viam 012 свидетельствует о том, что этот штамм, по-видимому, представляет собой новый, неописанный вид рода *Colletotrichum*.

С помощью анализа геномных сигнатур к представителям семейства *Pleosporaceae* отнесены штаммы viam 013cl3, viam 036, viam 064, viam 065, viam 119, viam 124, viam 203, viam 206, viam 207, viam 208, viam 213, viam 215, viam 217, viam 227, viam 235. Филогения всех этих штаммов подтверждена результатами филогенетического анализа (рис. 2, б). Кроме того, с помощью филогенетического анализа также классифицирован ряд штаммов, для которых метод анализа геномных сигнатур оказался недостаточно чувствительным.

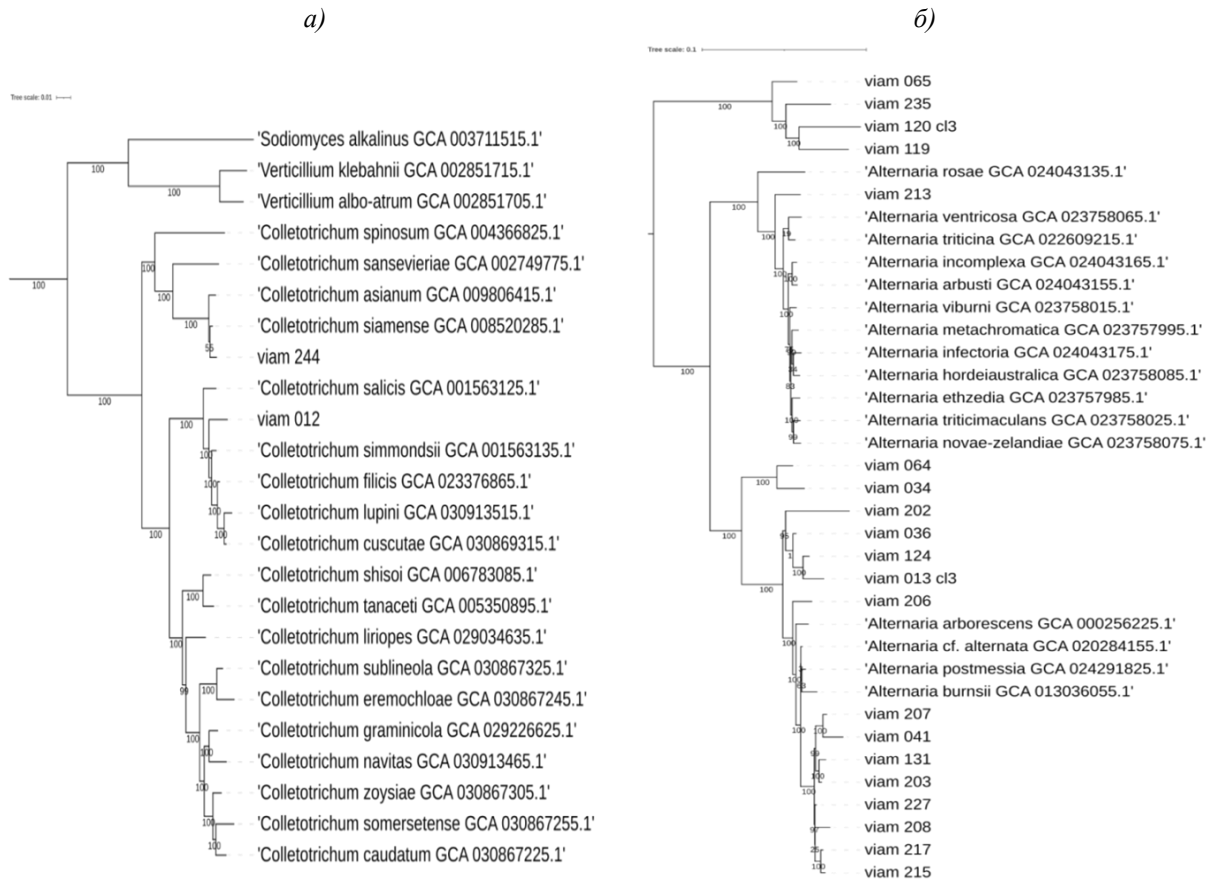


Рис. 2. Фрагменты общего филогенетического дерева царства Fungi, порядка *Glomerellales* (а) и семейства *Pleosporaceae* (б), полученного с помощью филогенетического анализа 255 однокопийных эукариотических генов. Бутстрапы обозначены в процентах

Штаммы viam 065, viam 235, viam 120cl3 и viam 119 формируют в древе отдельную ветвь, которая, по данным анализа 18S рРНК, относится к роду *Curvularia* (также семейство *Pleosporaceae*). Однако ввиду того что в базе типовых штаммов NCBI геномы *Curvularia* отсутствуют, филогенетическое подтверждение на основании полного генома на данный момент невозможно. Остальные штаммы относятся к роду *Alternaria*, причем многие формируют кластеры, вероятно, относящиеся к новым видам.

С помощью анализа геномных сигнатур к представителям рода *Aspergillus* отнесены штаммы viam 014, viam 022, viam 030, viam 031, viam 032, viam 066, viam 067, viam 090, viam 095, viam 113, viam 155cl3, viam 171. С помощью филогенетического анализа подтверждена филогения всех этих штаммов, а также классифицирован ряд штаммов, для которых метод анализа геномных сигнатур оказался недостаточно чувствительным (рис. 3).

Анализ филогенетического древа показывает, что в большинстве случаев исследованные штаммы близки типовым видам *Aspergillus*, однако окончательное подтверждение их видовой принадлежности требует более глубокого, мультифазного анализа с использованием методов анализа ANI/AAI, ключевых метаболических путей и др. В то же время ряд штаммов, например viam 113 и viam 171, а также кластер из штаммов viam 175 и viam 032, вероятно, представляют собой новые виды рода *Aspergillus*.

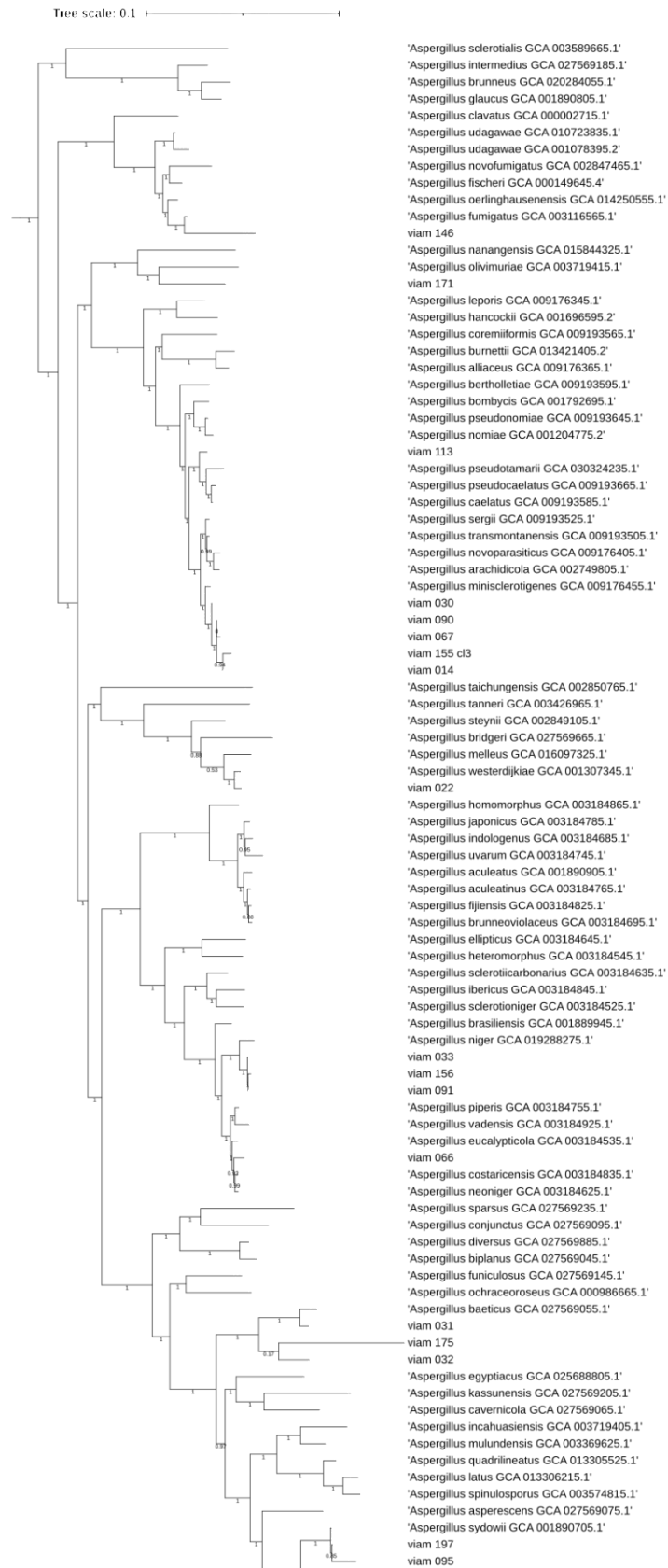


Рис. 3. Фрагмент общего филогенетического дерева царства Fungi, рода *Aspergillus*, полученного с помощью филогенетического анализа 255 однокопийных эукариотических генов. Бутстрэпы обозначены в процентах

С помощью анализа геномных сигнатур штаммы viam 016, viam 100 и viam 177 удалось классифицировать только до уровня класса – *Sordariomycetes* (рис. 4). Анализ филогенетического древа (в частности, сравнительный анализ глубины ветвления) позволяет предположить, что данные штаммы являются представителями новых, ранее не описанных классов. Так, штаммы viam 016 и viam 100 относятся к одному виду нового класса, а штамм viam 177 – к другому классу, для которого он является единственным представителем.

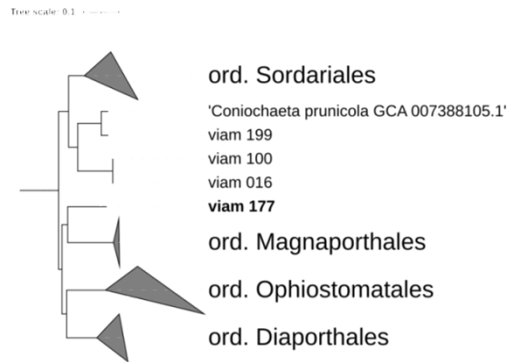


Рис. 4. Фрагмент общего филогенетического древа царства Fungi, подкласса *Sordariomycetidae*, полученного с помощью филогенетического анализа 255 однокопийных эукариотических генов. Бутстрапы обозначены в процентах

Работа выполнена при поддержке ЦКП «Климатические испытания» НИЦ «Курчатовский институт» – ВИАМ.

Заключения

Проведена таксономическая идентификация штаммов мицелиальных грибов коллекции НИЦ «Курчатовский институт» – ВИАМ с помощью молекулярно-генетических методов. Полный цикл пробоподготовки и полногеномное секвенирование 200 культур микромицетов осуществлены в Курчатовском геномном центре. Большая часть геномов (190) успешно собрана и характеризуется высокими показателями полноты (> 90 %) и низким уровнем контаминации (до 5 %).

Таксономическая классификация проведена с помощью двух подходов: анализ геномных сигнатур и полноценный филогенетический анализ по 255 маркерным однокопийным генам эукариот. Второй подход, хотя и требует гораздо более значительных вычислительных мощностей, показал преимущество не только по качеству классификации, но и по устойчивости к контаминации – с помощью филогенетического древа в большинстве случаев удалось классифицировать даже сборки невысокого качества. В результате филогенетического анализа 6 образцов классифицированы до уровня вида, 146 – рода, 29 – семейства, 12 – порядка, 2 – подкласса, 2 – класса. Важно отметить, что, по-видимому, в коллекции НИЦ «Курчатовский институт» – ВИАМ присутствует ряд штаммов, представляющих собой новые таксоны высокого ранга (порядки), дальнейшее описание которых имеет несомненную фундаментальную значимость.

Представлены данные идентификации с помощью методов секвенирования штаммов следующих таксонов: порядок *Glomerellales*, род *Colletotrichum*; семейство *Pleosporaceae*; роды *Curvularia* и *Alternaria*, род *Aspergillus* и представители новых порядков класса *Sordariomycetes*. Анализ данных молекулярной идентификации других культур грибов будет представлен в следующих публикациях.

СПИСОК ИСТОЧНИКОВ

1. Каблов Е.Н., Лаптев А.Б., Прокопенко А.Н., Гуляев А.И. Релаксация полимерных композиционных материалов под длительным действием статической нагрузки и климата (обзор). Часть 1. Связующие // *Авиационные материалы и технологии*. 2021. № 4 (65). С. 70–80. URL: <http://www.journal.viam.ru> (дата обращения: 20.07.2025). DOI: 10.18577/2713-0193-2021-0-4-70-80.
2. Закирова Л.И., Афанасьев-Ходыкин А.Н., Мовенко Д.А., Лаптев А.Б. Особенности формирования диффузионного слоя Sn–Zn–Fe на границе гальванотермического покрытия системы цинк–олово и стали 30ХГСА с высокой защитной способностью // *Авиационные материалы и технологии*. 2022. № 4 (69). С. 61–71. URL: <http://www.journal.viam.ru> (дата обращения: 29.07.2025). DOI: 10.18577/2713-0193-2022-0-4-61-71.
3. Старцев В.О., Старцев О.В., Зеленева Т.О., Варданян А.М. Влияние осадков на изменение массы образцов полимерных композиционных материалов в открытых климатических условиях // *Авиационные материалы и технологии*. 2024. № 1 (74). С. 136–154. URL: <https://www.journal.viam.ru> (дата обращения: 20.07.2025). DOI: 10.18577/2713-0193-2024-0-1-136-154.
4. Lugauskas A., Levinskaitė L., Pečiulytė D. Micromycetes as deterioration agents of polymeric materials // *International biodeterioration & biodegradation*. 2003. Vol. 52 (4). P. 233–242.
5. Lugauskas A., Prosychevas I., Levinskaitė L., Jaskeliūčius V. Physical and chemical aspects of long-term biodeterioration of some polymers and composites // *Environmental Toxicology: An International Journal*. 2004. Vol. 19 (4). P. 318–328.
6. Srikanth M., Sandeep T.S.R.S., Sucharitha K., Godi S. Biodegradation of plastic polymers by fungi: a brief review // *Bioresources and Bioprocessing*. 2022. Vol. 9 (1). P. 42. DOI: 10.1186/s40643-022-00532-4.
7. Кривушина А.А., Лаптев А.Б. Фунгициды: применение, свойства и принципы действия // *Авиационные материалы и технологии*. 2024. № 1 (74). С. 155–168. URL: <http://www.journal.viam.ru> (дата обращения: 20.07.2025). DOI: 10.18577/2713-0193-2024-0-1-155-168.
8. Каблов Е.Н., Антипов В.В. Роль материалов нового поколения в обеспечении технологического суверенитета Российской Федерации // *Вестник Российской академии наук*. 2023. Т. 93. № 10. С. 907–916. DOI: 10.31857/S0869587323100055.
9. Jeon S.A., Park J.L., Park S.J. et al. Comparison between MGI and Illumina sequencing platforms for whole genome sequencing // *Genes and Genomics*. 2021. Vol. 43. No. 7. P. 713–724. DOI: 10.1007/s13258-021-01096-x.
10. Hu T., Che J., Lin X. et al. Comparison of the DNBSEQ platform and Illumina HiSeq 2000 for bacterial genome assembly // *Scientific Reports*. 2024. Vol. 14. No. 1. P. 1292. DOI: 10.1038/s41598-024-51725-0.
11. Meslier V., Quinquis B., Da Silva K. et al. Benchmarking second and third-generation sequencing platforms for microbial metagenomics: 1 // *Scientific Data*. 2022. Vol. 9. No. 1. P. 694.
12. Blanco-Míguez A., Beghini F., Cumbo F. et al. Extending and improving metagenomic taxonomic profiling with uncharacterized species using MetaPhlAn 4 // *Nature biotechnology*. 2023. Vol. 41 (11). P. 1633–1644.
13. Manni M., Berkele M.R., Seppey M. et al. BUSCO Update: Novel and Streamlined Workflows along with Broader and Deeper Phylogenetic Coverage for Scoring of Eukaryotic, Prokaryotic, and Viral Genomes // *Molecular biology and evolution*. 2021. Vol. 38. No. 10. P. 4647–4654.
14. Katoh K., Standley D.M. MAFFT multiple sequence alignment software version 7: improvements in performance and usability // *Molecular biology and evolution*. 2013. Vol. 30. No. 4. P. 772–780.
15. Capella-Gutiérrez S., Silla-Martínez J.M., Gabaldón T. TrimAl: a tool for automated alignment trimming in large-scale phylogenetic analyses // *Bioinformatics*. 2009. Vol. 25. No. 15. P. 1972–1973.
16. Price M.N., Dehal P.S., Arkin A.P. FastTree 2 – approximately maximum-likelihood trees for large alignments // *PLOS One*. 2010. Vol. 5. No. 3. P. e9490.

References

1. Kablov E.N., Laptev A.B., Prokopenko A.N., Gulyaev A.I. Relaxation of polymeric composite materials under the prolonged action of static load and climate (review). Part 1. Binders. *Aviation materials and technologies*, 2021, no. 4 (65), pp. 70–80. Available at: <http://www.journal.viam.ru> (accessed: July 20, 2025). DOI: 10.18577/2713-0193-2021-0-4-70-80.

2. Zakirova L.I., Afanasyev-Khodykin A.N., Movenko D.A., Laptev A.B. Features of the formation of the Sn–Zn–Fe diffusion layer at the boundary of galvanothermal coating of systems zinc–tin and 30HGSA steel with high protective capability. *Aviation materials and technologies*, 2022, no. 4 (69), pp. 61–71. Available at: <http://www.journal.viam.ru> (accessed: July 29, 2025). DOI: 10.18577/2713-0193-2022-0-4-61-71.
3. Startsev V.O., Startsev O.V., Zeleneva T.O., Vardanyan A.M. Influence of precipitation on changes in the mass of samples of polymeric composite materials in open climatic conditions. *Aviation materials and technologies*, 2024, no. 1 (74), pp. 136–154. Available at: <http://www.journal.viam.ru> (accessed: July 20, 2025). DOI: 10.18577/2713-0193-2024-0-1-136-154.
4. Lugauskas A., Levinskaitė L., Pečiulytė D. Micromycetes as deterioration agents of polymeric materials. *International biodeterioration & biodegradation*, 2003, vol. 52 (4), pp. 233–242.
5. Lugauskas A., Prosychevas I., Levinskaitė L., Jaskelvičius B. Physical and chemical aspects of long-term biodeterioration of some polymers and composites. *Environmental Toxicology: An International Journal*, 2004, vol. 19 (4), pp. 318–328.
6. Srikanth M., Sandeep T.S.R.S., Sucharitha K., Godi S. Biodegradation of plastic polymers by fungi: a brief review. *Bioresources and Bioprocessing*, 2022, vol. 9 (1), p. 42. DOI: 10.1186/s40643-022-00532-4.
7. Krivushina A.A., Laptev A.B. Fungicides: application, properties and principles of action. *Aviation materials and technologies*, 2024, no. 1 (74), pp. 155–168. Available at: <http://www.journal.viam.ru> (accessed: July 20, 2025). DOI: 10.18577/2713-0193-2024-0-1-155-168.
8. Kablov E.N., Antipov V.V. The role of new generation materials in ensuring the technological sovereignty of the Russian Federation. *Vestnik Rossiyskoy akademii nauk*, 2023, vol. 93, no. 10, pp. 907–916. DOI: 10.31857/S0869587323100055.
9. Jeon S.A., Park J.L., Park S.J. et al. Comparison between MGI and Illumina sequencing platforms for whole genome sequencing. *Genes and Genomics*, 2021, vol. 43, no. 7, pp. 713–724. DOI: 10.1007/s13258-021-01096-x.
10. Hu T., Che J., Lin X. et al. Comparison of the DNBSEQ platform and Illumina HiSeq 2000 for bacterial genome assembly. *Scientific Reports*, 2024, vol. 14, no. 1, p. 1292. DOI: 10.1038/s41598-024-51725-0.
11. Meslier V., Quinquis B., Da Silva K. et al. Benchmarking second and third-generation sequencing platforms for microbial metagenomics: 1. *Scientific Data*, 2022, vol. 9, no. 1, p. 694.
12. Blanco-Míguez A., Beghini F., Cumbo F. et al. Extending and improving metagenomic taxonomic profiling with uncharacterized species using MetaPhlan 4. *Nature biotechnology*, 2023, vol. 41 (11), pp. 1633–1644.
13. Manni M., Berkele M.R., Seppey M. et al. BUSCO Update: Novel and Streamlined Workflows along with Broader and Deeper Phylogenetic Coverage for Scoring of Eukaryotic, Prokaryotic, and Viral Genomes. *Molecular biology and evolution*, 2021, vol. 38, no. 10, pp. 4647–4654.
14. Katoh K., Standley D.M. MAFFT multiple sequence alignment software version 7: improvements in performance and usability. *Molecular biology and evolution*, 2013, vol. 30, no. 4, pp. 772–780.
15. Capella-Gutiérrez S., Silla-Martínez J.M., Gabaldón T. TrimAl: a tool for automated alignment trimming in large-scale phylogenetic analyses. *Bioinformatics*, 2009, vol. 25, no. 15, pp. 1972–1973.
16. Price M.N., Dehal P.S., Arkin A.P. FastTree 2 – approximately maximum-likelihood trees for large alignments. *PLOS One*, 2010, vol. 5, no. 3, p. e9490.

Информация об авторах

Кривушина Анастасия Александровна, старший научный сотрудник, к.б.н., НИЦ «Курчатовский институт» – ВИАМ, admin@viam.ru
Старцев Валерий Олегович, начальник лаборатории, д.т.н., НИЦ «Курчатовский институт» – ВИАМ, admin@viam.ru

Information about the authors

Anastasia A. Krivushina, Senior Researcher, Candidate of Sciences (Bio.), NRC «Kurchatov Institute» – VIAM, admin@viam.ru
Valery O. Startsev, Head of Laboratory, Doctor of Sciences (Tech.), NRC «Kurchatov Institute» – VIAM, admin@viam.ru

Статья поступила в редакцию 20.10.2025; одобрена и принята к публикации после рецензирования 23.10.2025.
The article was submitted 20.10.2025; approved and accepted for publication after reviewing 23.10.2025.