

Научная статья

УДК 579.69

DOI: 10.18577/2307-6046-2026-0-6-176-188

**ИДЕНТИФИКАЦИЯ КОЛЛЕКЦИИ МИЦЕЛИАЛЬНЫХ ГРИБОВ
НИЦ «КУРЧАТОВСКИЙ ИНСТИТУТ» – ВИАМ
МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИМИ МЕТОДАМИ*
Часть 3**

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 молекулярно-генетическими методами в Курчатовском геномном центре. Представлены данные идентификации штаммов следующих таксонов: семейство Chaetomiaceae; порядок Pleosporales, роды Nothophoma, Didymella, Epicoccum; порядку Hypocreales и Erysiphales, роды Purpureocillium, Beauveria; класс Leotiomycetes, род Botrytis, семейство Phacidiaceae; класс Dothideomycetes, роды Delphinella, Aureobasidium; семейство Trichocomaceae, род Talaromyces и др.

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 3 // Труды ВИАМ. 2026. № 6 (160). С. 176–188. URL: <http://www.viam-works.ru>. DOI: 10.18577/2307-6046-2026-0-6-176-188.

Scientific article

**IDENTIFICATION OF THE MYCELIAL FUNGI COLLECTION
OF NRC «KURCHATOV INSTITUTE» – VIAM
BY MOLECULAR GENETIC METHODS
Part 3**

А.А. 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 NRC «Kurchatov Institute» – VIAM collection was carried out using the methods of genome-wide taxonomy in the Kurchatov Genome Center. The article presents data on the molecular identification of strains of the following taxa: family Chaetomiaceae; order Pleosporales, genera Nothophoma, Didymella, Epicoccum; orders Hypocreales and Erysiphales, genera Purpureocillium, Beauveria; class Leotiomycetes, genus Botrytis, family Phacidiaceae; class Dothideomycetes, genera Delphinella, Aureobasidium; family Trichocomaceae, genus Talaromyces et al.

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

* Часть 1 – см. «Труды ВИАМ», № 4 (158), 2026; часть 2 – см. «Труды ВИАМ», № 5 (159), 2026.

For citation: Krivushina A.A., Startsev V.O. Identification of the mycelial fungi collection of NRC «Kurchatov Institute» – VIAM by molecular genetic methods. Part 3. *Trudy VIAM*, 2026, no. 6 (160), pp. 176–188. Available at: <http://www.viam-works.ru>. DOI: 10.18577/2307-6046-2026-0-6-176-188.

Введение

На протяжении нескольких десятилетий в НИЦ «Курчатовский институт» – ВИАМ проводятся комплексные исследования микробиологической стойкости материалов. Этот процесс включает непрерывное выделение и изучение микроорганизмов, колонизирующих поверхности различной техники и конструкций. За годы работы в институте накоплена значительная коллекция микроорганизмов-деструкторов и контаминантов материалов [1–3]. Основу коллекции составляют культуры микроскопических грибов, полученные из образцов материалов и конструктивных элементов, подвергнутых испытаниям на специализированных микробиологических площадках в различных климатических зонах. Кроме того, в лаборатории регулярно проводятся микробиологические анализы эксплуатируемой техники с выявлением признаков микробиологических повреждений. В таких случаях культуры микроорганизмов-деструкторов выделяются непосредственно из пораженных участков. Полученные штаммы представляют особую ценность для дальнейшего изучения их физиологических особенностей и применения в лабораторных тестах на микробиологическую стойкость материалов и изделий.

Коллекция мицелиальных грибов обладает высоким научным и практическим потенциалом. Ее можно использовать для оценки микробиологической стойкости материалов и изделий, а также для определения эффективности биоцидных препаратов, антисептиков и других средств, направленных на борьбу с биоповреждениями. Кроме того, культуры грибов-деструкторов перспективны для разработки технологий переработки отходов и препаратов для биоремедиации, что подчеркивает их значимость для экологических исследований [4–8].

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

Материалы и методы

Подготовлены чашки Петри с питательной средой сусло-агар. Проведена реизоляция 200 культур мицелиальных грибов из замороженных и лиофилизированных препаратов, хранящихся в депозитарии НИЦ «Курчатовский институт» – ВИАМ, путем посева инокулюма на поверхность питательной среды. Чашки Петри с инокулюмом заклеивали парафильмом и инкубировали в термостатах при температуре 28 °С в течение 10–14 дней. После проведения 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.

С культур на чашках Петри выделяли геномную ДНК, далее измеряли концентрацию и оценивали качество полученной ДНК, проводили дополнительную очистку. Подготовка библиотек для геномного секвенирования проведена для 100 нг очищенной ДНК культур на чашках Петри. Каждый образец фрагментирован в режиме, оптимальном для получения фрагментов длиной ~(300–400) нуклеотидов. После фрагментации

ДНК очищали от низкомолекулярных фрагментов с помощью магнитных частиц. Качество фрагментации оценено с помощью системы капиллярного электрофореза и набора реагентов (рис. 1).

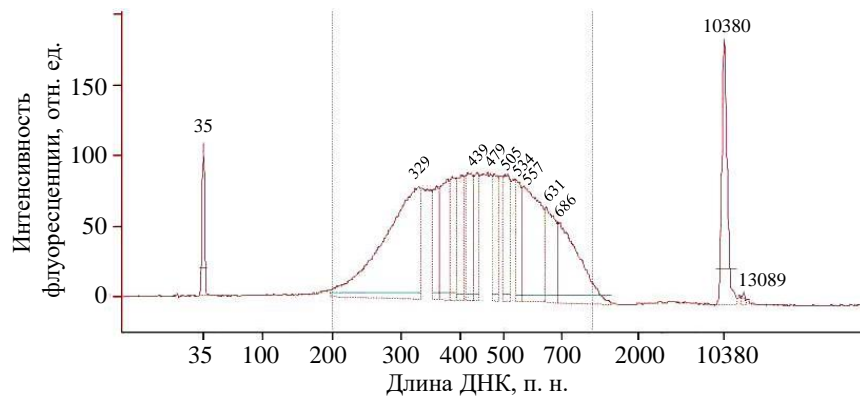


Рис. 1. Электрофореграмма фрагментированной ДНК (35 и 10380 – нижний и верхний маркеры длин)

Дальнейшая подготовка библиотек проведена с помощью набора реагентов для подготовки NGS-библиотек (Next Generation Sequencing – секвенирование нового поколения) и набора адаптеров для секвенирования ДНК.

Процесс получения библиотек включал следующие этапы:

- ферментативное восстановление поврежденных концов ДНК;
- лигирование к фрагментированной ДНК адаптеров для индивидуальной маркировки библиотек;
- наработка библиотек с помощью полимеразной цепной реакции.

Полученные библиотеки очищены от низкомолекулярных фрагментов с помощью магнитных частиц. Подготовка библиотек для геномного секвенирования проведена для 50 нг очищенной ДНК культур на чашках Петри с помощью набора для приготовления библиотек.

Процесс получения библиотек включал следующие этапы:

- ферментативная фрагментация ДНК и лигирование к фрагментированной ДНК адаптеров;
- ввод индексной последовательности для индивидуальной маркировки библиотеки и наработка библиотек с помощью полимеразной цепной реакции.

Полученные библиотеки очищены от низкомолекулярных фрагментов с помощью магнитных частиц. Концентрацию готовых библиотек оценивали на флуориметре с использованием наборов реагентов. Качество готовых библиотек оценивали по электрофореграмме, полученной с помощью системы автоматического электрофореза нуклеиновых кислот и набора реагентов (рис. 2).

После оценки качества библиотеки пулировали эквимолярно. Далее проводили циркуляризацию библиотек, подготовку ДНК-наночастиц (DNA-nanoballs) и секвенирование согласно инструкции производителя с использованием парно-концевых прочтений по 150 нуклеотидов [9–11].

Два образца, для которых получено недостаточное количество прочтений, секвенировали с использованием системы парно-концевых прочтений по 150 нуклеотидов.

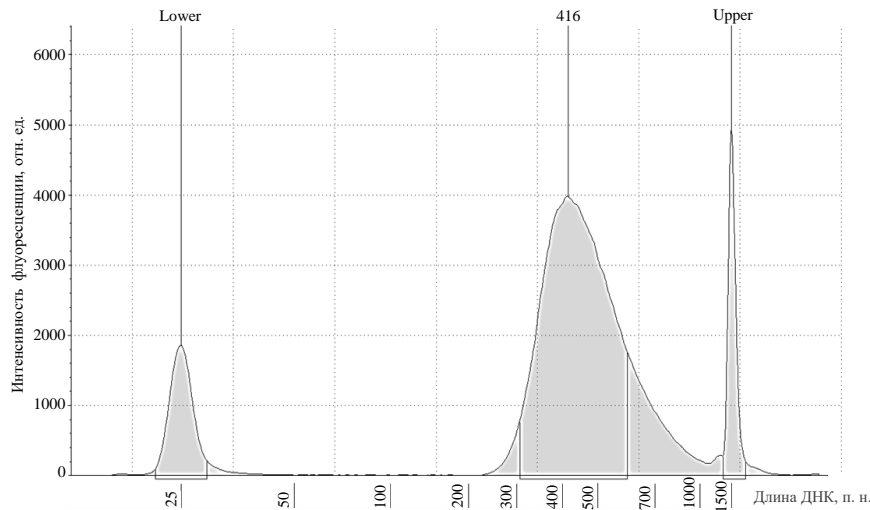


Рис. 2. Библиотека, полученная с помощью набора, для образцов культур на чашках Петри (Lower и Upper – нижний и верхний маркеры длин)

Предварительная обработка прочтений включала три этапа:

- обрезка прочтений по качеству и их фильтрация;
- корректировка прочтений;
- нормализация данных секвенирования.

На этапе обрезки и фильтрации прочтения обработаны: удалены участки прочтений со средним качеством <21 , удалены служебные последовательности (адаптеры), участки полигуанина на концах прочтений длиной >4 нуклеотидов, отброшены прочтения длиной <33 нуклеотидов [12]. В среднем при строгих параметрах фильтрации отфильтровано $<20\%$ нуклеотидов и $<10\%$ прочтений. Усредненные результаты обрезки и фильтрации представлены на рис. 3.

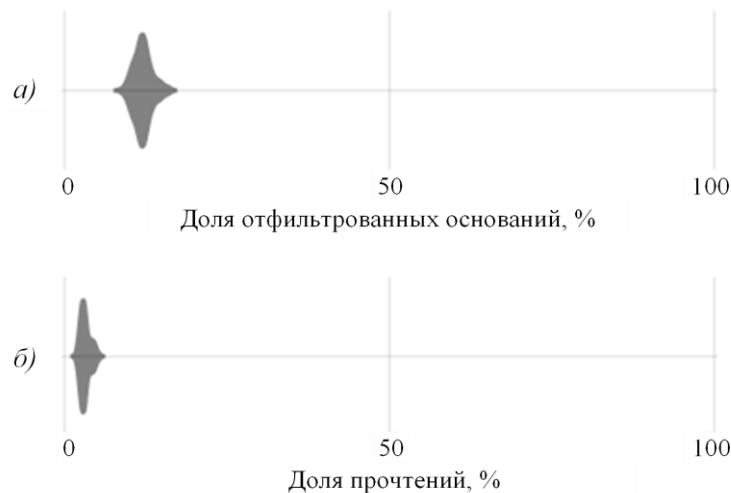


Рис. 3. Распределение плотности вероятности доли отфильтрованных оснований (а) и прочтений (б) по всем образцам

Корректировка прочтений с применением таблиц k -меров выполнена с использованием стандартных настроек по умолчанию и выделением необходимого объема оперативной памяти. Ошибки секвенирования найдены в $\sim 20\%$ прочтений, $>80\%$ обнаруженных ошибок устранено. Корректировка и нормализация данных секвенирования

позволяют получать более качественные геномные сборки за счет уменьшения количества прочтений с ошибками и возможных контаминантов, а также снижения избыточности данных.

Нормализация данных секвенирования выполнена со следующими параметрами: минимальное необходимое и целевое покрытие k -мерами составило 5 и 100 соответственно.

Выбор утилит обусловлен высокой скоростью работы, эффективной параллелизацией и широким набором функций.

De novo сборка геномов выполнена в программе [13], используемой в основном для сборки метагеномов, однако показывающей результаты по качеству сборки на уровне, полученном в работе [14], при этом затрачивается значительно меньше вычислительных ресурсов, что позволяет работать с большими массивами данных. Результаты на тестовом наборе данных также превосходили результаты, полученные с помощью программы [15], используемой для сборки геномов эукариот. Для полученных геномных сборок собрана статистика по количественным характеристикам: суммарная длина генома, N50, количество контигов и др. Полнота и контаминация геномов оценены [16] для набора однокопийных маркерных генов, характерных для царства Fungi. Для девяти геномов (штаммы viam 222, viam 133, viam 037, viam 146, viam 026, viam 205, viam 169, viam 097 и viam 175) доля представленных в одной копии маркерных генов составила <90 %. Для большинства образцов это объясняется фрагментированностью сборки, которой не удается избежать даже при тщательной предварительной обработке данных секвенирования. Геном штамма viam 121 продемонстрировал долю однокопийных генов в двух и более копиях 5,3 %, что, однако, не помешало дальнейшей работе.

Для всех геномных сборок предсказаны белок-кодирующие гены для последующего функционального анализа и таксономической классификации.

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

Результаты и обсуждение

В предыдущих частях данной статьи представлены результаты молекулярной идентификации штаммов следующих таксонов: порядок *Glomerellales*, род *Colletotrichum*; семейство *Pleosporaceae*; роды *Curvularia* и *Alternaria*, род *Aspergillus* и представители новых порядков класса *Sordariomycetes*; род *Penicillium*; порядок *Xylariales*, роды *Nigrospora*, *Neopestalotiopsis*, *Pestalotiopsis*, *Daldinia*; род *Cladosporium*; род *Sarocladium*; порядок *Hypocreales*; порядок *Mucorales*, род *Rhizopus*; род *Trichoderma*; род *Fusarium* и др.

Далее анализ данных геномных сигнатур [16–19] показал, что штаммы viam 048-1 и viam 040 относятся к семейству *Chaetomiaceae* класса *Sordariomycetes*. Согласно геномным сигнатурам, оба штамма отнесены к роду *Chaetomium*. Однако анализ филогенетического древа показал, что оба штамма имеют значительную глубину ветвления с геномами описанных типовых штаммов (рис. 4, *a*). Это может свидетельствовать о том, что они представляют собой новые рода.

По анализу данных геномных сигнатур определено, что штаммы viam 137 cl3, viam 132, viam 233, viam 184, viam 245, viam 238, viam 062, viam 228, viam 214, viam 149 и viam 127 относятся к порядку *Pleosporales*, но различаются на уровне семейств. Штамм viam 137 cl3 относится к виду *Nothophoma quercina*, штамм viam 132 – к роду *Didymella*, штаммы viam 062, viam 228, viam 214, viam 149 и viam 127 – к роду *Epicoccum*, а штаммы viam 233, viam 184, viam 245 и viam 238 определены только до порядка *Pleosporales*.

Анализ филогенетического дерева подтверждает принадлежность данных штаммов к порядку *Pleosporales* (рис. 4, б). При этом штамм *viam 137 cl3* формирует глубокую ветвь и, вероятно, является представителем вида *Nothophoma quercina*, геном которого отсутствовал в базе данных типовых штаммов NCBI. Штамм *viam 132*, по-видимому, относится к виду *Didymella glomerata*. Штаммы *viam 062*, *viam 228*, *viam 214*, *viam 149* и *viam 127* могут относиться к роду *Epicoccum*, геном которого также отсутствует в базе данных типовых штаммов. Штаммы *viam 233*, *viam 184*, *viam 245* и *viam 238*, вероятно, образуют новый род порядка *Pleosporales*.

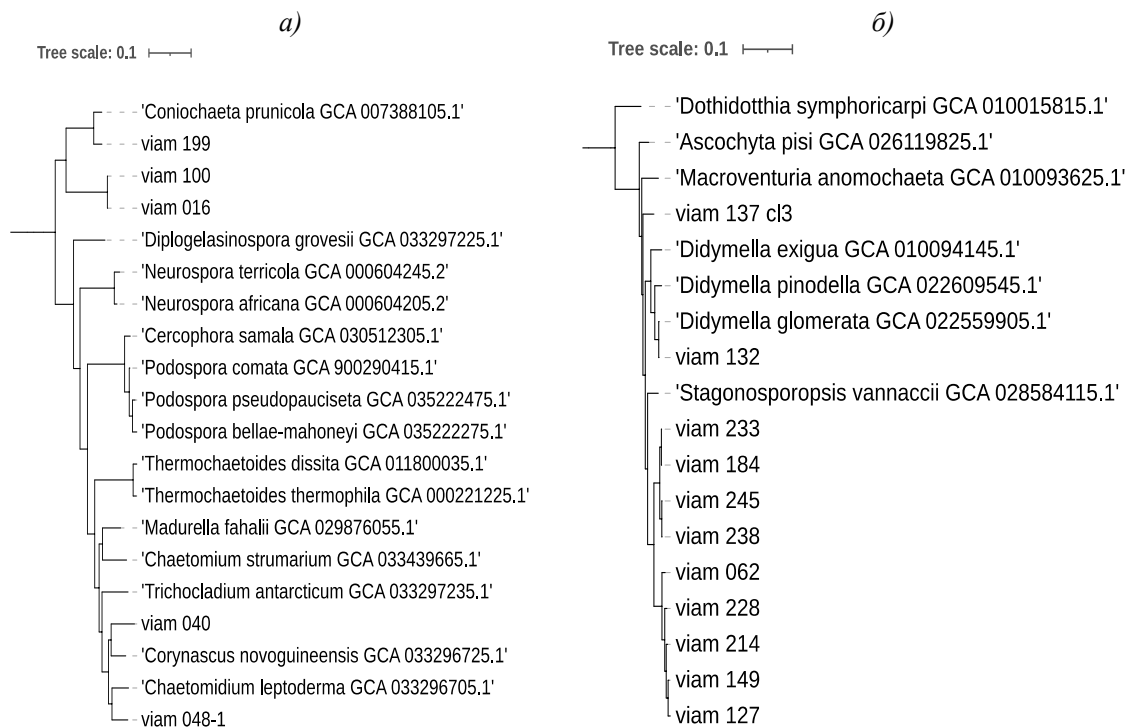


Рис. 4. Фрагменты общего филогенетического дерева царства Fungi, класса *Sordariomycetes* (а) и порядка *Pleosporales* (б), полученного с помощью филогенетического анализа 255 однокопийных эукариотических генов

По анализу данных геномных сигнатур определено, что штаммы *viam 111*, *viam 042*, *viam 193* и *viam 162* подразделяются на два порядка – *Hypocreales* и *Erysiphales*. Штаммы *viam 193* и *viam 162* определены до семейства *Cordycipitaceae*, штамм *viam 111* – до вида *Purpureocillium lilacinum* (порядок *Hypocreales*), штамм *viam 042* – до вида *Golovinomyces magnicellulatus*, порядок *Erysiphales*.

Однако, согласно данным филогенетического дерева, все штаммы кластеризуются в пределах порядка *Hypocreales* (рис. 5). Штамм *viam 111* относится к виду *Purpureocillium lilacinum*, а штаммы *viam 193* и *viam 162* кластеризуются с видом *Beauveria rudraprayagi* семейства *Cordycipitaceae*, по-видимому представляя новые виды данного рода. В свою очередь штамм *viam 042* формирует более глубокую ветвь в этом кластере и, возможно, представляет собой новое семейство.

Анализ данных геномных сигнатур показал, что штаммы *viam 080*, *viam 226*, *viam 221* и *viam 178* относятся к классу *Leotiomycetes*. Штаммы *viam 226* и *viam 178* относятся к роду *Botrytis*, при этом штамм *viam 178* определяется как *Botrytis cinerea*. Штаммы *viam 080* и *viam 221* определяются только до отдела *Ascomycota*.

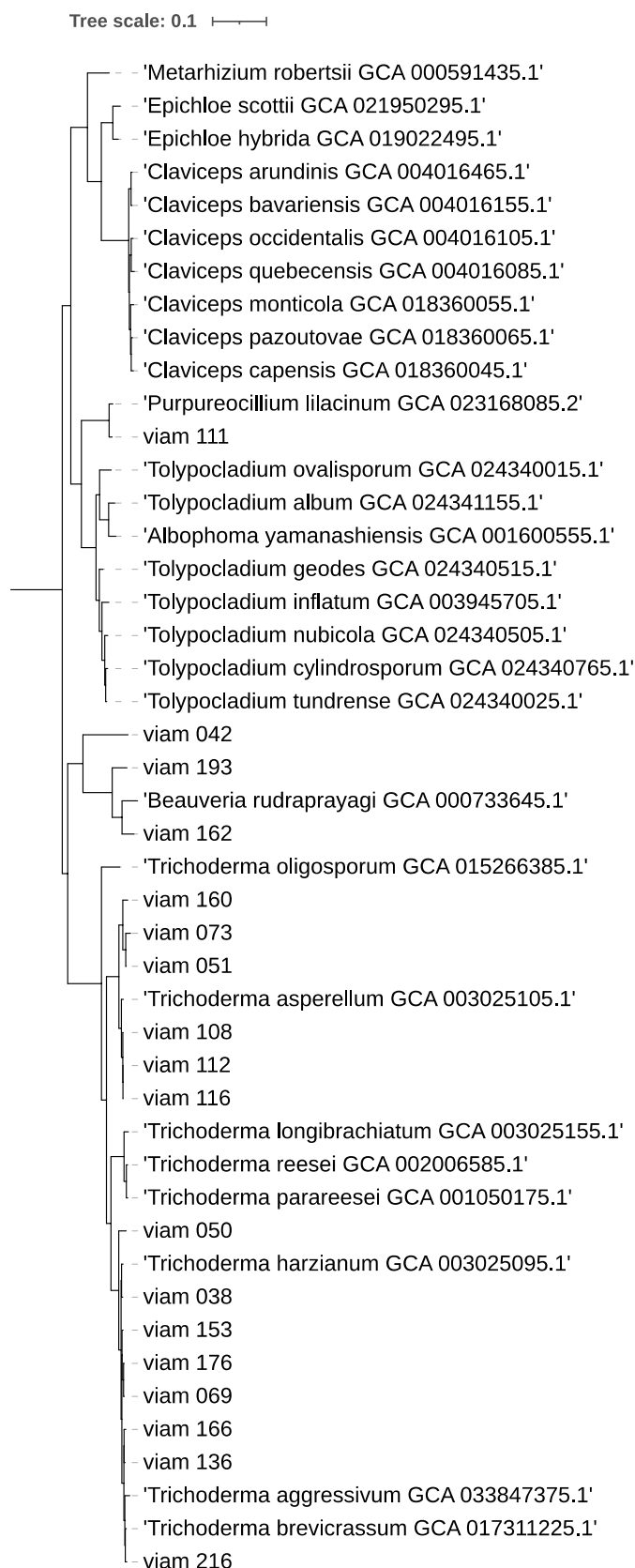


Рис. 5. Фрагмент общего филогенетического древа царства Fungi, порядка *Hypocreales*, полученного с помощью филогенетического анализа 255 однокопийных эукариотических генов

Филогенетический анализ демонстрирует принадлежность штаммов *viam* 226, *viam* 221 и *viam* 178 к роду *Botrytis* (рис. 6). Штамм *viam* 080 кластеризуется с родом *Xenosphaeropsis*, однако глубина ветвления свидетельствует о том, что, возможно, он представляет собой новый род семейства *Phacidiaceae*.

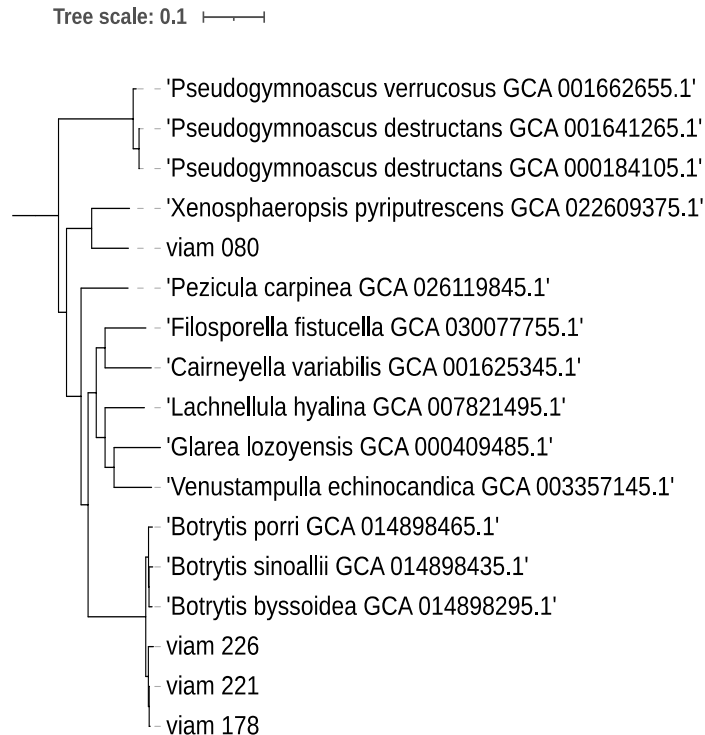


Рис. 6. Фрагмент общего филогенетического дерева царства Fungi, класса *Leotiomycetes*, полученного с помощью филогенетического анализа 255 однокопийных эукариотических генов

В результате анализа данных геномных сигнатур определено, что штаммы *viam* 147, *viam* 133, *viam* 218, *viam* 200, *viam* 220, *viam* 201, *viam* 097, *viam* 247, *viam* 159 и *viam* 188 относятся к классу *Dothideomycetes*. При этом в порядок *Dothideales* выделены штаммы *viam* 147 (вид *Delphinella strobiligena*), *viam* 133, определенный до рода *Aureobasidium*, *viam* 218 (вид *Aureobasidium pullulans*) и штаммы, относящиеся к виду *Aureobasidium melanogenum*: *viam* 200, *viam* 201, *viam* 220, *viam* 097 и *viam* 247. Штамм *viam* 159 определен только до отдела *Ascomycota*, а штамм *viam* 188 – до рода *Cercospora*, порядок *Mycosphaerellales*.

По данным филогенетического анализа определено, что штаммы *viam* 133, *viam* 200, *viam* 201, *viam* 220, *viam* 097 и *viam* 247 относятся к роду *Aureobasidium*, при этом штаммы *viam* 200, *viam* 201 и *viam* 220 кластеризуются с видом *Aureobasidium melanogenum*, но, по-видимому, могут быть новыми видами (рис. 7). Штаммы *viam* 097 и *viam* 247 ближе всего к виду *Aureobasidium melanogenum*. Штаммы *viam* 133 и *viam* 218 кластеризуются с видами *Aureobasidium namibiae* и *Aureobasidium subglaciale*. Однако штамм *viam* 133 может быть представителем нового вида, а штамм *viam* 218 относится к виду *Aureobasidium subglaciale*. Штамм *viam* 147 формирует отдельную ветвь и относится к другому роду, вероятнее всего к *Delphinella*.

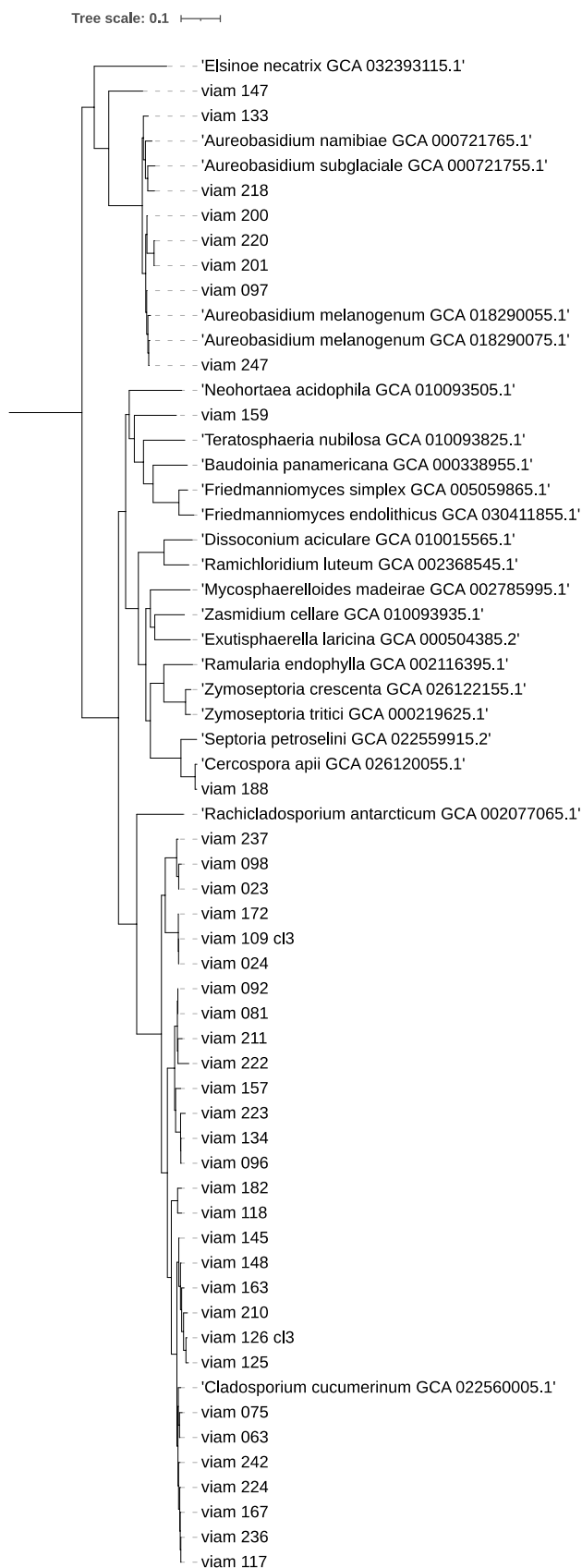


Рис. 7. Фрагмент общего филогенетического древа царства Fungi, класса *Dothideomycetes*, полученного с помощью филогенетического анализа 255 однокопийных эукариотических генов

Анализ данных геномных сигнатур показал, что штаммы viam 174, viam 028, viam 143, viam 101 и viam 102 относятся к одному порядку *Eurotiales*, но к разным семействам. Штаммы viam 174 (вид *Talaromyces rugulosu*), viam 143 (вид *Talaromyces purpureogenus*), viam 101 и viam 102 (род *Talaromyces*) относятся к семейству *Trichocomaceae*, в то время как штамм viam 028 – к семейству *Aspergillaceae* (что, по-видимому, ошибочно).

Согласно данным филогенетического анализа, все эти штаммы относятся к семейству *Trichocomaceae*. Штаммы viam 101, viam 102 и viam-143, вероятно, относятся к роду *Talaromyces*, штамм viam 174 представляет собой новый род, тогда как штамм viam 028 находится на грани между родом *Talaromyces* и новым родом (рис. 8).

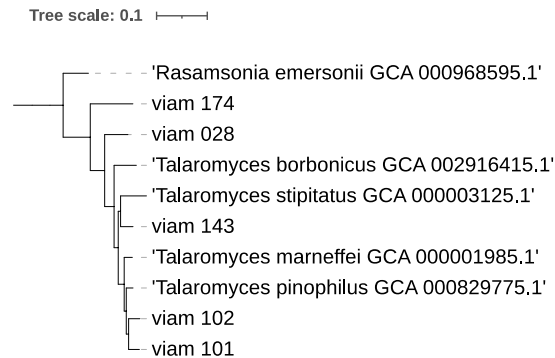


Рис. 8. Фрагмент общего филогенетического дерева царства Fungi, порядка *Eurotiales*, полученного с помощью филогенетического анализа 255 однокопийных эукариотических генов

Заключения

Проведена таксономическая идентификация штаммов мицелиальных грибов коллекции НИЦ «Курчатовский институт» – ВИАМ с помощью молекулярно-генетических методов в Курчатовском геномном центре. Получены данные по секвенированию представителей следующих таксонов: порядок *Glomerellales*, род *Colletotrichum*; семейство *Pleosporaceae*; роды *Curvularia* и *Alternaria*, род *Aspergillus* и представители новых порядков класса *Sordariomycetes*; род *Penicillium*; порядок *Xylariales*, роды *Nigrospora*, *Neopestalotiopsis*, *Pestalotiopsis*, *Daldinia*; род *Cladosporium*; род *Sarocladium*; порядок *Hypocreales*; порядок *Mucorales*, род *Rhizopus*; род *Trichoderma*; род *Fusarium*; семейство *Chaetomiaceae*; порядок *Pleosporales*, роды *Nothophoma*, *Didymella*, *Epicoccum*; порядок *Hypocreales* и *Erysiphales*, роды *Purpureocillium*, *Beauveria*; класс *Leotiomycetes*, род *Botrytis*, семейство *Phacidiaceae*; класс *Dothideomycetes*, роды *Delphinella*, *Aureobasidium*; семейство *Trichocomaceae*, род *Talaromyces* и др.

В результате проведенной работы выявлено, что 235 штаммов коллекции мицелиальных грибов относятся к 124 видам и 42 родам микромицетов. Обнаружено, что более 40 новых штаммов микромицетов отсутствуют в доступных базах данных и требуют дополнительного исследования деструктивной способности. Методами анализа ДНК подтверждено видовое соответствие тест-культур, применяемых в испытаниях на микробиологическую стойкость. Выявлены морфологически идентичные штаммы, которые являются разными видами по данным генетической идентификации. Обнаружены штаммы, относящиеся к одним видам, но выделенные в разных климатических зонах, соответственно, обладающие различными физиологическими свойствами.

Данные о видовом составе и филогенетических связях микроскопических грибов из коллекции представляют большую ценность для дальнейших исследований, в том числе для изучения их физиологических свойств и влияния на материалы в качестве агентов микробиологической деструкции.

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., Levinskait L., Pečiulyt 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., Jaskelvičius B. 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*. Nature Publishing Group, 2023. P. 1–12.
13. Li D., Liu C.M., Luo R. et al. MEGAHIT: an ultra-fast single-node solution for large and complex metagenomics assembly via succinct de Bruijn graph // *Bioinformatics*. 2015. Vol. 31. No. 10. P. 1674–1676.
14. Bankevich A., Nurk S., Antipov D. et al. SPAdes: a new genome assembly algorithm and its applications to single-cell sequencing // *Journal of computational biology*. 2012. Vol. 19. No. 5. P. 455–477.
15. Kajitani R., Toshimoto K., Noguchi H. et al. Efficient de novo assembly of highly heterozygous genomes from whole-genome shotgun short reads // *Genome research*. 2014. Vol. 24. No. 8. P. 1384–1395.

16. 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.
17. 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.
18. 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.
19. 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*. Nature Publishing Group, 2023, pp. 1–12.

13. Li D., Liu C.M., Luo R. et al. MEGAHIT: an ultra-fast single-node solution for large and complex metagenomics assembly via succinct de Bruijn graph. *Bioinformatics*, 2015, vol. 31, no. 10, pp. 1674–1676.
14. Bankevich A., Nurk S., Antipov D. et al. SPAdes: a new genome assembly algorithm and its applications to single-cell sequencing. *Journal of computational biology*, 2012, vol. 19, no. 5, pp. 455–477.
15. Kajitani R., Toshimoto K., Noguchi H. et al. Efficient de novo assembly of highly heterozygous genomes from whole-genome shotgun short reads. *Genome research*, 2014, vol. 24, no. 8, pp. 1384–1395.
16. 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.
17. 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.
18. 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.
19. 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 11.11.2025; одобрена и принята к публикации после рецензирования 10.12.2025.
The article was submitted 11.11.2025; approved and accepted for publication after reviewing 10.12.2025.