**ДОПОЛНИТЕЛЬНЫЕ МАТЕРИАЛЫ**

**Состав микробных обрастаний на поверхности пластиков и стали, экспонированных в водоеме на полигоне твердых бытовых отходов**

**© 2022 г. Т. П. Туроваa, Д. Ш. Соколоваa, Е. М. Семеноваa, Д. М. Киреевб, А. Б. Лаптевв, Т. Н. Назинаa, \***

*a Институт микробиологии им. С.Н. Виноградского, ФИЦ Биотехнологии РАН, Москва 117312 Россия*

*б Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования “Уфимский государственный нефтяной технический университет”, Уфа, 450064 Россия*

*в Федеральное государственное унитарное предприятие “Всероссийский научно-исследовательский институт авиационных материалов” НИЦ "Курчатовский институт”, Москва, 105005 Россия*

*\*e-mail: nazina@inmi.ru*

**Таблица S1.** Физико-химические и органолептические показатели исследуемой водной среды на начальной стадии (10 сут) экспозиции образцов пластика и стали

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| **Показатель** | **Результаты исследований** | **Погрешность измерения** | **Величина допустимого уровня\*** | **Метод исследования** |
| Мутность, мг/дм3 | **3.0** | 0.6 | Не более 2.0 | ГОСТ Р 57164-2016 |
| Цветность, градусы цветности | **94.0** | 9.4 | Не более 30.0 | ГОСТ 31868-2012 |
| Запах, баллы | **4** | - | Не более 3 | ГОСТ Р 57164-2016 |
| pH | 6.85 | 0.20 | В пределах 6.0-9.0 | ПНД Ф 14.1: 2:3:4.121-97 |
| Окисляемость перманганатная, мг/дм3 | **37.6** | 3.8 | Не более 7.0 | ПНД Ф 14.2:4.54-99 |
| Жесткость общая, мг-экв/дм3 | **10.3** | 1.5 | Не более 10.0 | ГОСТ 31954-2012 |
| Аммиак и ионы аммония, мг/дм3 | **4.0** | 0.6 | Не более 2.0 | ГОСТ 33045-2014 |
| NO2-, мг/дм3 | 0.029 | 0.014 | Не более 3.0 | ГОСТ 33045-2014 |
| NO3-, мг/дм3 | Менее 0.2\* | - | Не более 45.0 | Методика М 01-58-2018 ПНД Ф 14.1: 2:3:4.282-18 |
| Cl-, мг/дм3 | 113 | 11 | Не более 350.0 | Методика М 01-58-2018 ПНД Ф 14.1: 2:3:4.282-18 |
| SO42-, мг/дм3 | 41.3 | 4.1 | Не более 500.0 | Методика М 01-58-2018 ПНД Ф 14.1: 2:3:4.282-18 |
| Si, мг/дм3 | 8.60 | 0.81 | Не более 10.0 | РД 52.24.497-2018 |
| Fe, суммарно, мг/дм3 | 0.15 | 0.04 | Не более 0.3 | ПНД Ф 14.1: 2.4.139-98 |
| Mn, суммарно, мг/дм3 | **2.1** | 0.4 | Не более 0.1 | ПНД Ф 14.1: 2:4.139-98 |
| Cu, суммарно, мг/дм3 | 0.014 | 0.004 | Не более 1.0 | ПНД Ф 14.1: 2:4.139-98 |
| Zn, мг/дм3 | 0.017 | 0.005 | Не более 5.0 | ПНД Ф 14.1: 2:4.139-98 |
| Ni, суммарно, мг/дм3 | 0.0018 | 0.0009 | Не более 0.1 | ПНД Ф 14.1: 2:4.140-98 |

\*Нижний предел измерения по методике определения.

\*\*Нормативы качества воды указаны в соответствии с СанПиН 2.1.4.1175-02: “Гигиенические требования к качеству воды нецентрализованного водоснабжения. Санитарная охрана источников”. Жирным шрифтом выделены показатели, превышающие норму.

**Таблица S2.** Индексы разнообразия библиотек фрагментов гена 16S рРНК бактерий и ITS рибосомного оперона грибов из обрастаний на поверхности полиэтилентерефталата (PET), полистирола (PS) и стали (ST), экспонированных в водоеме на территории полигона ТБО

|  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **Параметры** | **Библиотеки фрагментов гена 16S рРНК** | | | | | |
|  | **UB10PET** | **UB10PS** | **UB10ST** | **UB60PET** | **UB60PS** | **UB60ST** |
| Время экспозиции, сут | 10 | | | 60 | | |
| Количество сиквенсов (ридов) | 20039 | 17756 | 19648 | 30871 | 32889 | 55885 |
| Количество ОТЕ | 3904 | 5713 | 5425 | 7600 | 4593 | 6383 |
| Покрытие по Good | 0.84 | 0.71 | 0.75 | 0.78 | 0.88 | 0.90 |
| Chao1 | 14597 | 25862 | 24684 | 30461 | 14902 | 21476 |
| Индекс разнообразия Шеннона-Уивера (H) | 6.0 | 6.9 | 6.3 | 6.7 | 5.7 | 5.7 |
| Обратный индекс разнообразия Симпсона (1/S) | 82.0 | 134.7 | 54.5 | 115.5 | 63.7 | 74.0 |
| Индекс доминирования Бергера-Паркера (D) | 0.06 | 0.05 | 0.09 | 0.04 | 0.06 | 0.05 |
|  | **Библиотеки фрагментов ITS оперона рРНК** | | | | | |
|  | **UF10PET** | **UF10PS** | **UF10ST** | **UF60PET** | **UF60PS** | **UF60ST** |
| Время экспозиции, сут | 10 | | | 60 | | |
| Количество сиквенсов (ридов) | 24424 | 40059 | 1565 | 66257 | 14113 | 215774 |
| Количество ОТЕ | 369 | 494 | 93 | 1089 | 321 | 1158 |
| Покрытие по Good | 99.5 | 99.8 | 99.0 | 99.3 | 99.9 | 99.9 |
| Chao1 | 413 | 529 | 97 | 2122 | 427 | 1170 |
| Индекс разнообразия Шеннона-Уивера (H) | 3.8 | 3.8 | 3.7 | 4.4 | 4.0 | 3.6 |
| Обратный индекс разнообразия Симпсона (1/S) | 16.8 | 20.1 | 24.1 | 23.0 | 22.8 | 17.8 |
| Индекс доминирования Бергера-Паркера (D) | 0.4 | 0.1 | 0.2 | 0.2 | 0.1 | 0.1 |

**Таблица S3.** Представленность 20 видов грибов в библиотеках из обрастаний на поверхности образцов полиэтилентерефталата (PET), полистирола (PS) и стали20 (ST).Представленность видов рассчитана как отношение количества ридов, принадлежащих представителям данного вида, к общему количеству ридов в соответствующей библиотеке

|  |  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **Род, вид** | **UF10PET** | **UF10PS** | **UF10ST** | **U60PET** | **UF60PS** | **UF60ST** | **Trophic Mode** | **Growth Form** |
| *Mrakia frigida* | 4 | 12.5 | 3.6 | 20.3 | 27.1 | 4.9 | Saprotroph | Yeast |
| *Glaciozyma antarctica* | 10.4 | 22.2 | 7.1 | 13.7 | 13.3 | 1.4 | Unassigned | Yeast |
| *Cladosporium cladosporioides* | 14.2 | 3.8 | 12.1 | 6.9 | 11.1 | 12.6 | Saprotroph | Microfungus |
| *Leucosporidium fragarium* | 3.9 | 3.2 | 0.7 | 6.1 | 11.1 | 25.1 | Saprotroph | Yeast |
| *Volucrispora graminea* | 26.9 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | Unassigned | Microfungus |
| *Malassezia restricta* | 2.1 | 0.2 | 0 | 4.7 | 0.5 | 10.6 | Pathotroph-Saprotroph | Facultative Yeast |
| *Mrakia blollopis* | 0.9 | 2 | 0.7 | 6 | 7.5 | 0.1 | Saprotroph | Yeast |
| *Paraphoma fimeti* | 4.8 | 2 | 10 | 0 | 0 | 0.1 | Pathotroph-Saprotroph | Microfungus |
| *Alternaria tenuissima* | 5.1 | 2 | 9.3 | 0.1 | 0 | 0.1 | Pathotroph-Saprotroph-Symbiotroph | Microfungus |
| *Cladosporium tenuissimum* | 1.9 | 0.7 | 0.7 | 1.2 | 0.6 | 10.1 | Saprotroph | Microfungus |
| *Preussia flanaganii* | 0.1 | 10.8 | 1.4 | 0 | 0 | 0.7 | Saprotroph | Microfungus |
| *Wallemia sebi* | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 11.6 | Saprotroph | Microfungus |
| *Debaryomyces hansenii* | 0.6 | 0.2 | 0 | 3.1 | 0.8 | 6.4 | Saprotroph | Yeast |
| *Pseudogymnoascus pannorum* | 2.6 | 0.9 | 0 | 2.4 | 4.7 | 0.1 | Pathotroph-Saprotroph-Symbiotroph | Microfungus |
| *Sporobolomyces lactosus* | 0.5 | 1.6 | 7.9 | 0 | 0 | 0.1 | Pathotroph-Saprotroph | Yeast |
| *Candida sake* | 1.1 | 1.7 | 1.4 | 2.3 | 3 | 0.1 | Pathotroph-Saprotroph-Symbiotroph | Dimorphic Yeast |
| *Didymella glomerata* | 1 | 6.6 | 0.7 | 0.2 | 0 | 0.4 | Pathotroph-Saprotroph | Microfungus |
| *Penicillium chrysogenum* | 0.2 | 1.1 | 0.7 | 0.8 | 0.4 | 5.6 | Saprotroph | Microfungus |
| *Neosetophoma samararum* | 1.3 | 0.6 | 5.7 | 0 | 0 | 0 | Saprotroph | Unassigned |
| *Aureobasidium pullulans* | 0.1 | 6.1 | 0.7 | 0.2 | 0 | 0.4 | Pathotroph-Saprotroph-Symbiotroph | Facultative Yeast |

**Таблица S4.** Доминирующие в обрастаниях рода бактерий, потенциальных деструкторов ксенобиотиков и других субстратов, согласно программе iVikodak

|  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| Ксенобиотики и другие субстраты | **Начальный этап экспозиции (10 сут)** | | | **Конечный этап экспозиции (60 сут)** | | |
| **ПЭТ** | **ПС** | **СТ** | **ПЭТ** | **ПС** | **СТ** |
| Фталат, терефталат, 4-гидроксифталат | *Xenophilus* (20.4),  ***Aquabacterium* (19.4)** | ***Aquabacterium* (8.2)** | ***Paracoccus* (16.1)***,*  *Aquabacterium* (9.0)*,*  *Polaromonas* (7.4) | ***Polaromonas* (18.2)***,*  *Paracoccus* (12.5)*,*  ***Rhodococcus* (8.6)** | ***Polaromonas* (16.5)***,*  *Aquabacterium* (9.3)*,*  *Pseudomonas* (9.2)*,*  ***Rhodococcus* (9.0)** | ***Sphingobium* (16.1)*,***  ***Pseudomonas* (10.9)***,*  *Aquabacterium* (8.9),  *Polaromonas* (7.4) |
| Стирол | ***Aquabacterium* (16.1)***,*  ***Planomicrobium* (7.4)** | *Polaromonas* (10.0)*,*  *Pseudomonas* (8.9)*,*  *Alkanindiges* (8.6) | ***Desulfobulbus* (10.0)**,  ***Paracoccus* (7.0)** | ***Polaromonas* (11.0)** | ***Polaromonas* (10.0)***,*  *Pseudomonas* (8.9)*,*  ***Alkanindiges* (8.6)** | ***Pseudomonas* (10.1),**  ***Sphingobium* (7.6)** |
| Этиленгликоль | ***Aquabacterium* (18.6)** | ***Aquabacterium* (6.0)** | ***Desulfobulbus* (13.6)*,***  *Desulfomicrobium* (11.2),  ***Paracoccus* (7.0)** | ***Polaromonas* (13.2)*,***  *Paracoccus* (7.2) | ***Polaromonas* (12.6)*,***  *Aquabacterium* (8.2)*,*  ***Alkanindiges* (8.1)** | ***Pseudomonas* (7.1),**  ***Sphingobium* (7.0)** |
| Бензоат, бензол, катехол, фенол | ***Aquabacterium* (21.7)***,*  *Acidovorax* (7.3) | ***Aquabacteriu****m* **(8.2)** | ***Desulfobulbus* (9.9)***,*  *Aquabacterium* (7.8) | ***Polaromonas* (14.0)*,***  ***Rhodococcus* (8.0)** | ***Polaromonas* (12.7)*,***  *Aquabacterium* (9.0)*,*  ***Rhodococcus* (8.4),**  *Alkanindiges* (7.5) | ***Sphingobium* (12.3)*,***  ***Pseudomonas* (8.8),**  *Aquabacterium* (7.0)*,* |
| 3-,4-фторбензоат, бромоксинил | *Xenophilus* (17.3),  ***Aquabacterium* (14.3),**  *Streptomyces* (7.8) | *Nevskia* (10.9),  *Novosphingobium* (7.6) | ***Paracoccus* (16.2)*,***  *Polaromonas* (7.2)*,* | ***Polaromonas* (17.2)*,***  ***Rhodococcus*(12.5)**  *Paracoccus* (12.2) | ***Polaromonas* (15.8)*,***  ***Rhodococcus* (13.3)***,*  *Pseudomonas* (9.6) | ***Sphingobium* (19.0)***,*  ***Pseudomonas*(11.2),**  *Paracoccus* (10.5) |
| 4-Хлорфенол | ***Aquabacterium* (21.0)***,*  ***Planomicrobium* (7.4)** | ***Aquabacterium* (7.6)** | *Aquabacterium* (8.4)***,***  ***Paracoccus* (7.6)*,***  ***Desulfobulbus* (7.4)** | ***Polaromonas* (13.8)** | ***Polaromonas* (12.2)***,*  *Aquabacterium* (8.6)*,*  ***Alkanindiges* (9.2)** | ***Sphingobium* (15.2)*,***  ***Pseudomonas* (8.6)** |
| 1,2-дихлорэтан, 3-хлорэтен, дихлорметан | ***Aquabacterium* (14.3)** |  | ***Desulfobulbus* (14.7)***,*  *Desulfomicrobium* (9.7)*,*  ***Paracoccus* (7.0)** | ***Polaromonas* (12.4)*,***  ***Rhodococcus* (8.4)*,***  *Paracoccus* (7.1) | ***Polaromonas* (12.4)*,***  ***Rhodococcus* (9.6)***,*  ***Alkanindiges* (7.8)** | ***Sphingobium* (10.5)** |
| Бифенил, 4-хлорбифинил | ***Planomicrobium* (16.4)***,*  ***Aquabacterium* (10.4)*,***  *Acidovorax* (7.1) | ***Planomicrobium* (13.6)** | *Polaromonas* (7.9) | ***Polaromonas* (17.7)*,***  ***Rhodococcus* (11.5)** | ***Polaromonas* (18.0)*,***  ***Rhodococcus* (13.4)** | ***Sphingobium* (21.3)*,*** |
| Нитраты, нитриты, соли аммония, формальдегид, гидроксиламин, нитрил, нитроалканы | ***Aquabacterium* (22.1)***,*  *Sulfurospirillum* (7.3) | ***Aquabacterium* (9.2)***,* | *Desulfomicrobium* (18.1)*,*  ***Desulfobulbus* (14.6)** | ***Polaromonas* (9.8)** | ***Aquabacterium* (11.0)***,*  ***Polaromonas* (9.3)*,***  *Alkanindiges* (8.0)  *Janthinobacterium* (7.2) | ***Pseudomonas* (9.1)**  *Aquabacterium* (8.5) |
| *н-*Алканы | ***Aquabacterium* (27.0)** | ***Aquabacterium* (10.4)** | ***Desulfobulbus* (10.6)***,*  *Aquabacterium* (10.2) | ***Polaromonas* (11.6)**  ***Rhodococcus* (10.1)** | *Aquabacterium* (11.1)*,*  ***Polaromonas* (10.4)***,*  ***Rhodococcus* (10.3)*,***  ***Alkanindiges* (9.7)** | ***Sphingobium* (10.3)***,*  *Aquabacterium* (9.1)*,*  ***Pseudomonas* (7.3)** |

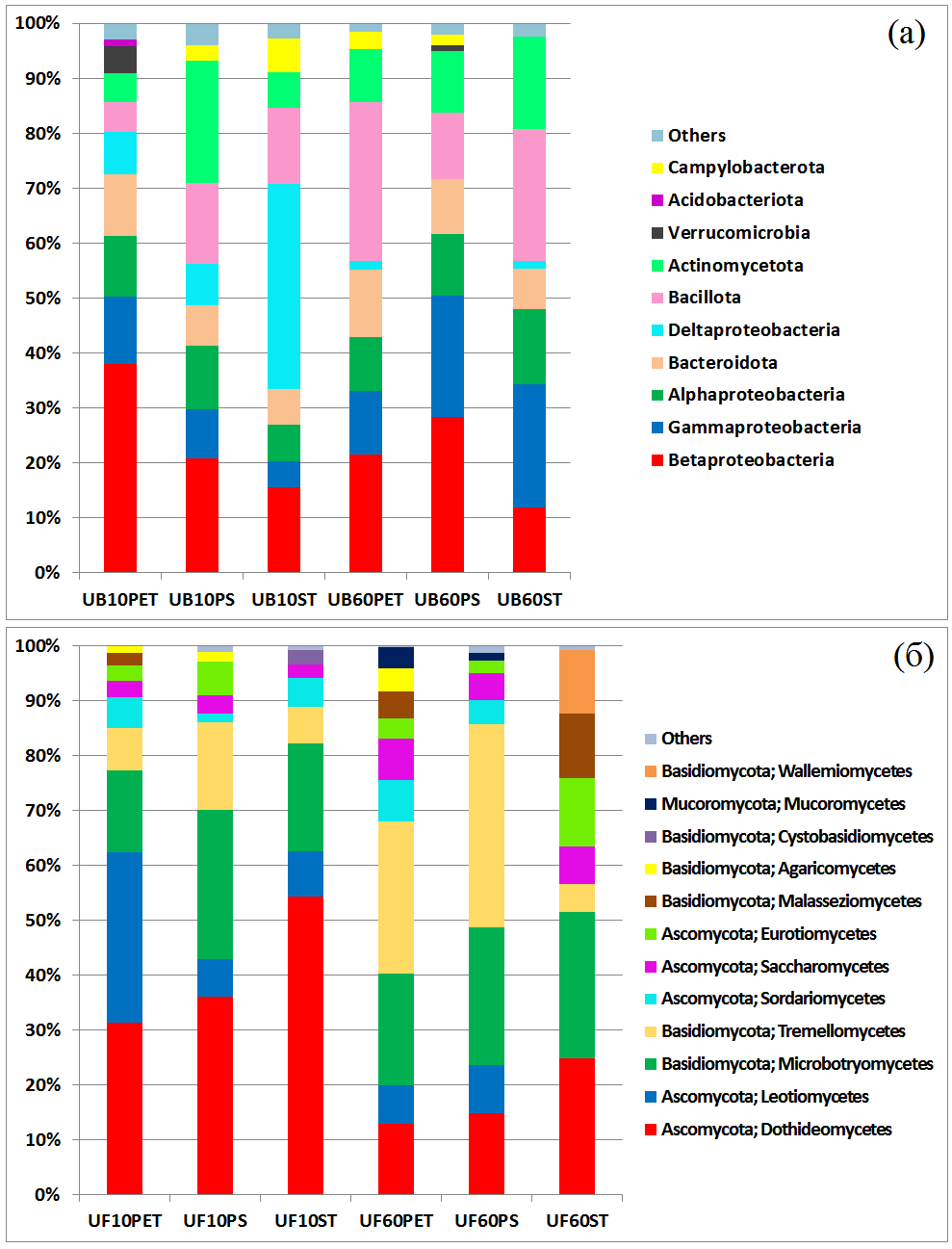
Рода в списках расположены в соответствии с потенциальным вкладом, превышающим 7% от общей представленности в составе активной микрофлоры, осуществляющей соответствующий процесс деградации ксенобиотиков. Жирным шрифтом выделены рода, наиболее характерные для каждого образца материала на каждом этапе экспонирования.

**Таблица S5**. Характеристика чистых культур бактерий, выделенных из обрастаний на поверхности образцов пластика и стали, экспонировавшихся в водоеме на полигоне ТБО

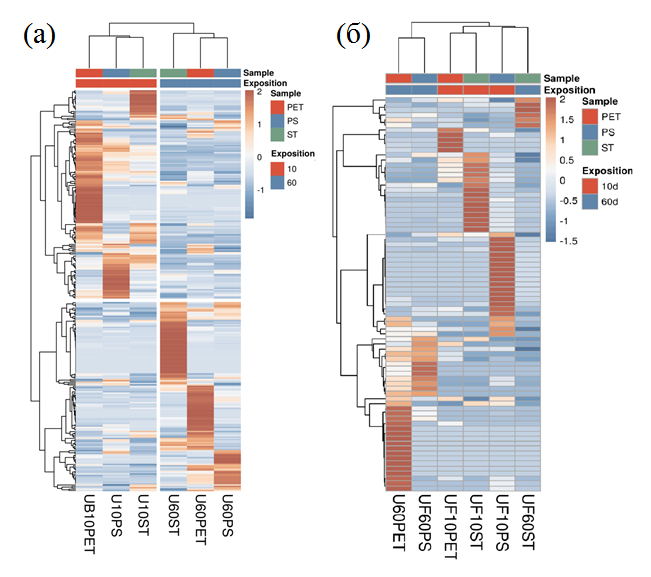
|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| Характеристики | Штамм | | |
| **L4-1** | **L12-1** | **L13-2** |
| Материал образца | ПЭТ | ПС | СТ |
| Ближайший типовой штамм по GenBank (% сходства) | *Bacillus thuringiensis* ATCC 10792T,  MN396730 (100) | *Bacillus thuringiensis* ATCC 10792T,  MN396730 (100) | *Brevundimonas bullata* NBRC 13290T, NR\_113611 (100) |
| Описание колонии на среде R2A | Матовые кремового цвета колонии, плоские с неровными краями, диаметром 2–3 мм | Круглые плоские колонии с неровными краями, кремово-телесного цвета, диаметром 2–3 мм | Мелкие колонии телесного цвета |
| Морфология клеток | Длинные нити, палочки с включениями. Одиночные споры | Короткие палочки со спорой | Тонкие палочки |
| ***Рост на субстратах*** | | | |
| Терефталат натрия | – | – | – |
| С12–С18 *н*-алканы | + | + | + |
| Бутират | + | + | + |
| Бензоат | – | – | + |
| Ацетат | + | + | + |
| Этиленгликоль | – | – | – |
| Нафталин | – | – | – |
| Фенол | + | + | – |



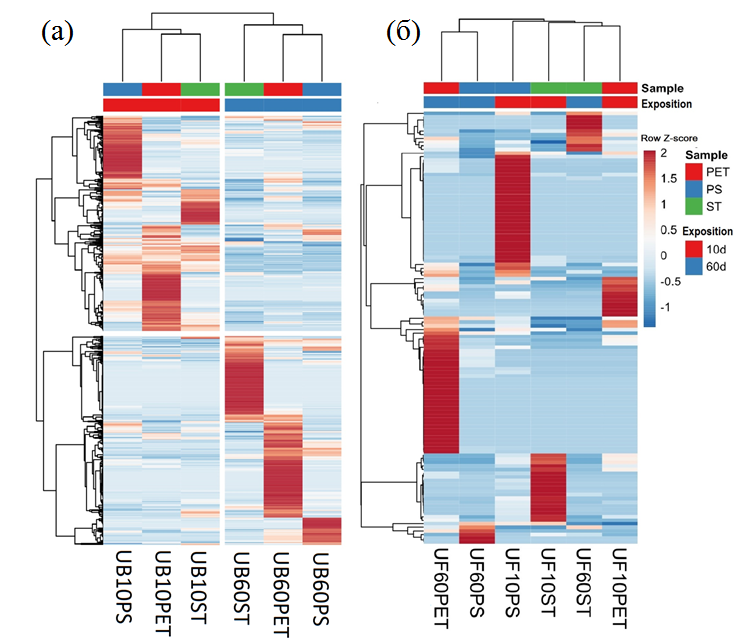
**Рисунок S1.** Исследуемый водоем на территории ТБО.



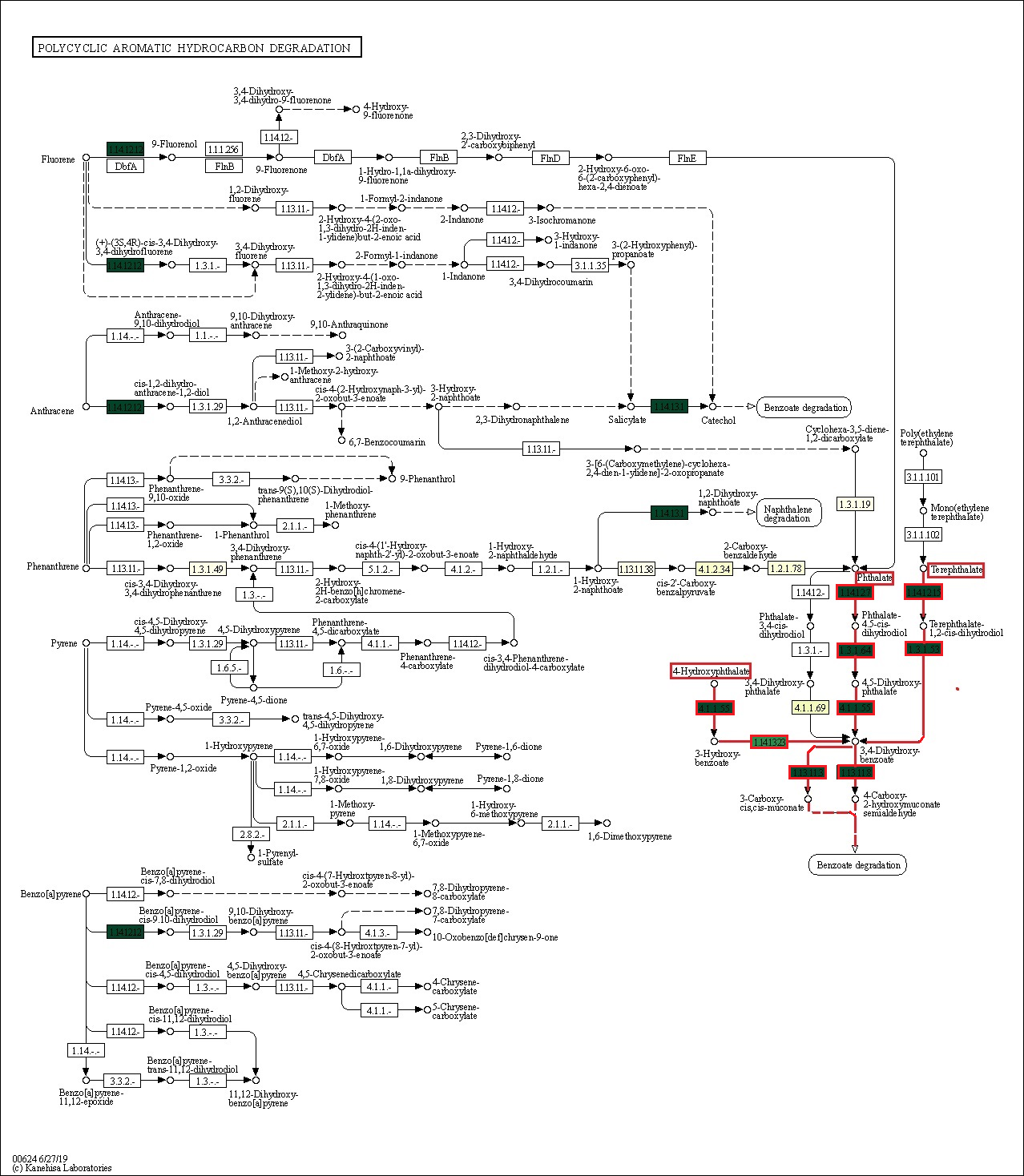
**Рисунок S2.** Относительная доля фрагментов гена 16S рРНК бактерий на уровне филумов/классов (а) и последовательностей ITS рибосомных генов грибов (б) в библиотеках из обрастаний на образцах полиэтилентерефталата (PET), полистирола (PS) и стали 20 (ST), экспонированных в водоеме на территории полигона ТБО. Представлены таксоны, составляющие не менее 1% в каждой библиотеке.



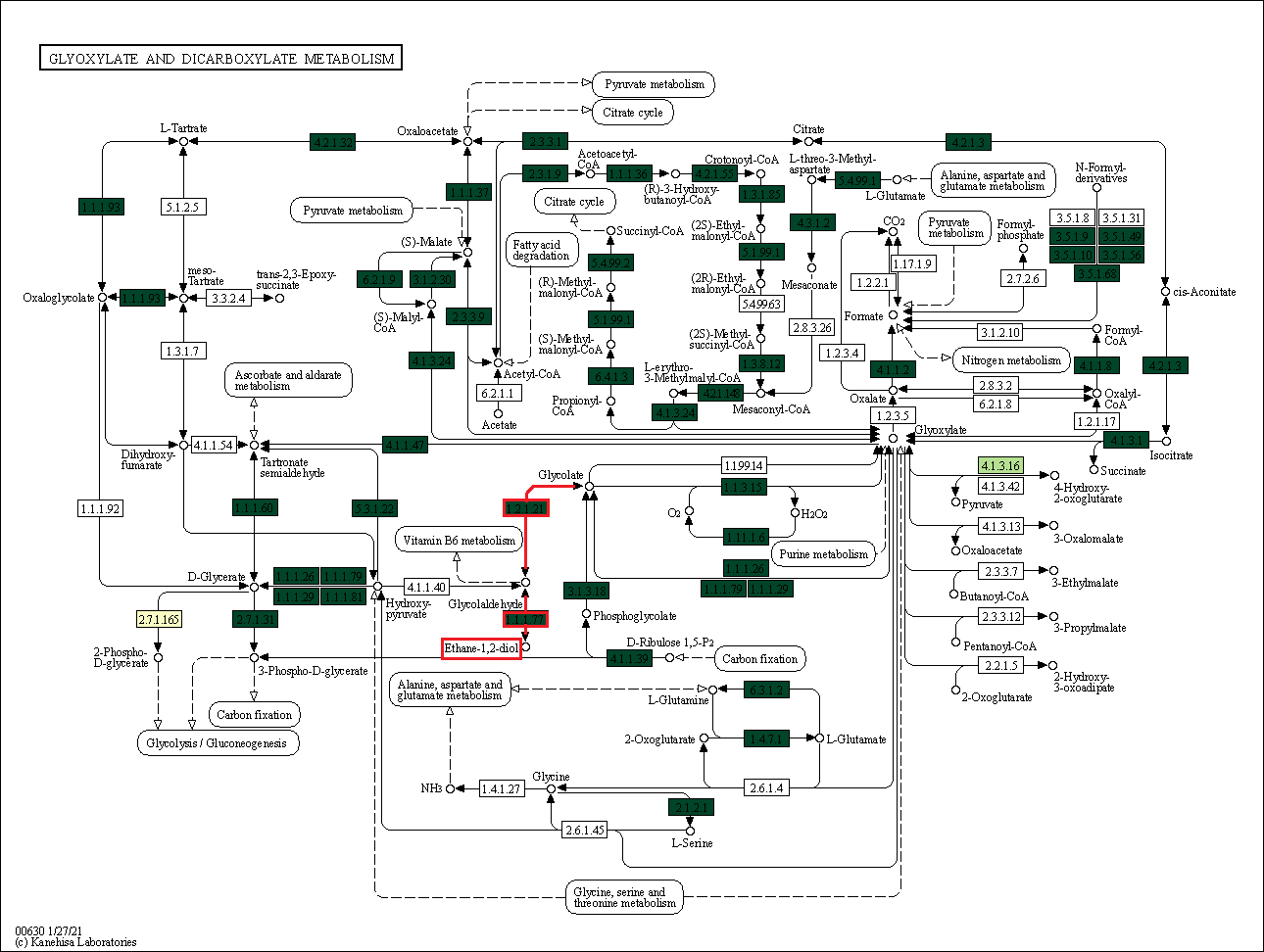
**Рисунок S3.** Тепловые карты (heatmap) распределения семейств бактерий (а) и грибов (б) в библиотеках из обрастаний на образцах полиэтилентерефталата (PET), полистирола (PS) и стали 20 (ST). Представленность семейств рассчитана, как отношение количества ридов, принадлежащих представителям данного семейства, к общему количеству ридов в соответствующей библиотеке. Как строки, так и столбцы были сгруппированы с использованием параметров correlation distance и average linkage программы ClustVis. Сравнительное количество фрагментов последовательностей гена 16S рРНК бактерий и ITS рибосомных оперонов грибов определенных семейств в библиотеках показано цветом.



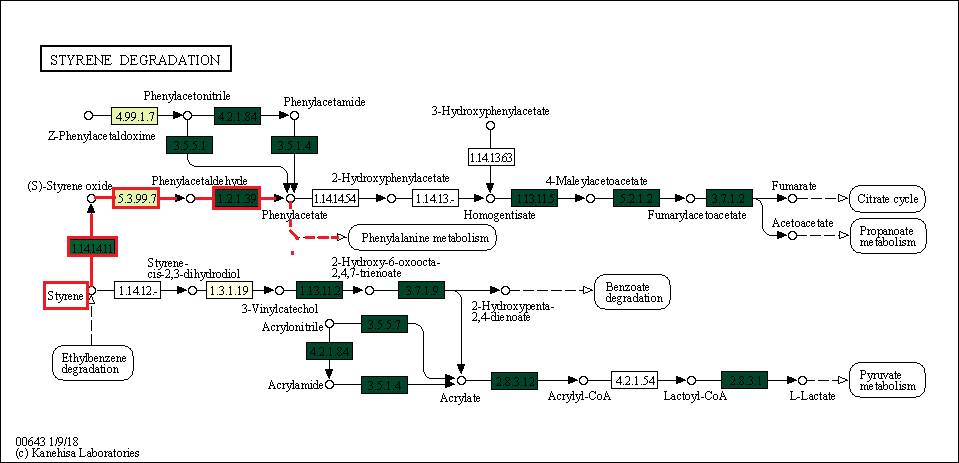
**Рисунок S4.** Тепловые карты (heatmap) распределения 856 родов бактерий (а) и 115 родов грибов (б) в библиотеках из обрастаний на образцах полиэтилентерефталата (PET), полистирола (PS) и стали 20 (ST). Представленность родов рассчитана как отношение количества ридов, принадлежащих представителям данного рода, к общему количеству ридов в соответствующей библиотеке. Как строки, так и столбцы были сгруппированы с использованием параметров correlation distance и average linkage программы ClustVis. Сравнительное количество фрагментов последовательностей гена 16S рРНК бактерий и ITS рибосомных оперонов грибов определенных родов в библиотеках показано цветом.

****

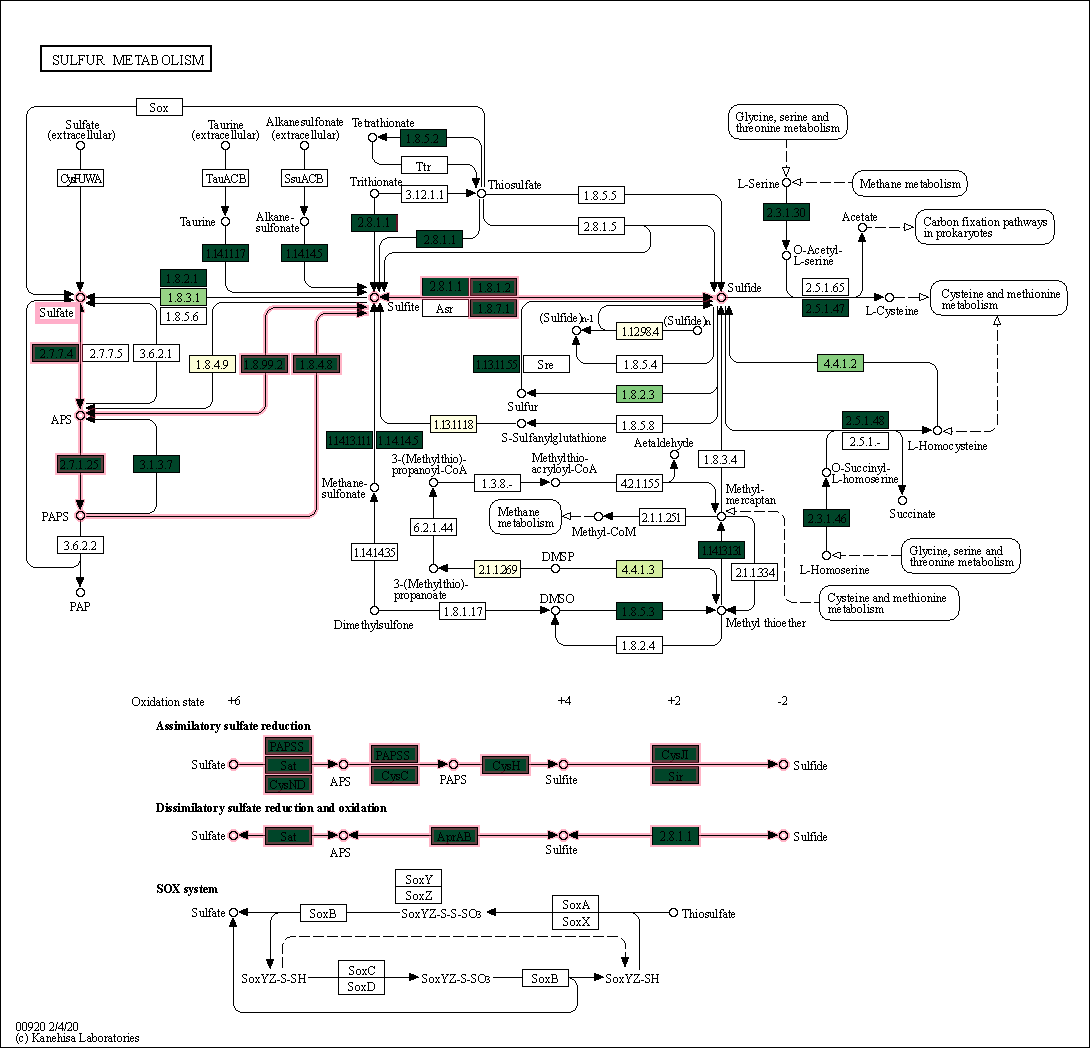
**Рисунок S5.** Карта пути “Деградация полициклических ароматических углеводородов” согласно базе данных KEGG. Цветом выделены ферменты, функционирование которых предсказано программой iVikodak у бактерий в обрастаниях. Интенсивность цвета характеризует предполагаемую представленность ферментов. Полные модули деградации терефталата, фталата и 4-гидроксифталата выделены красным цветом.

****

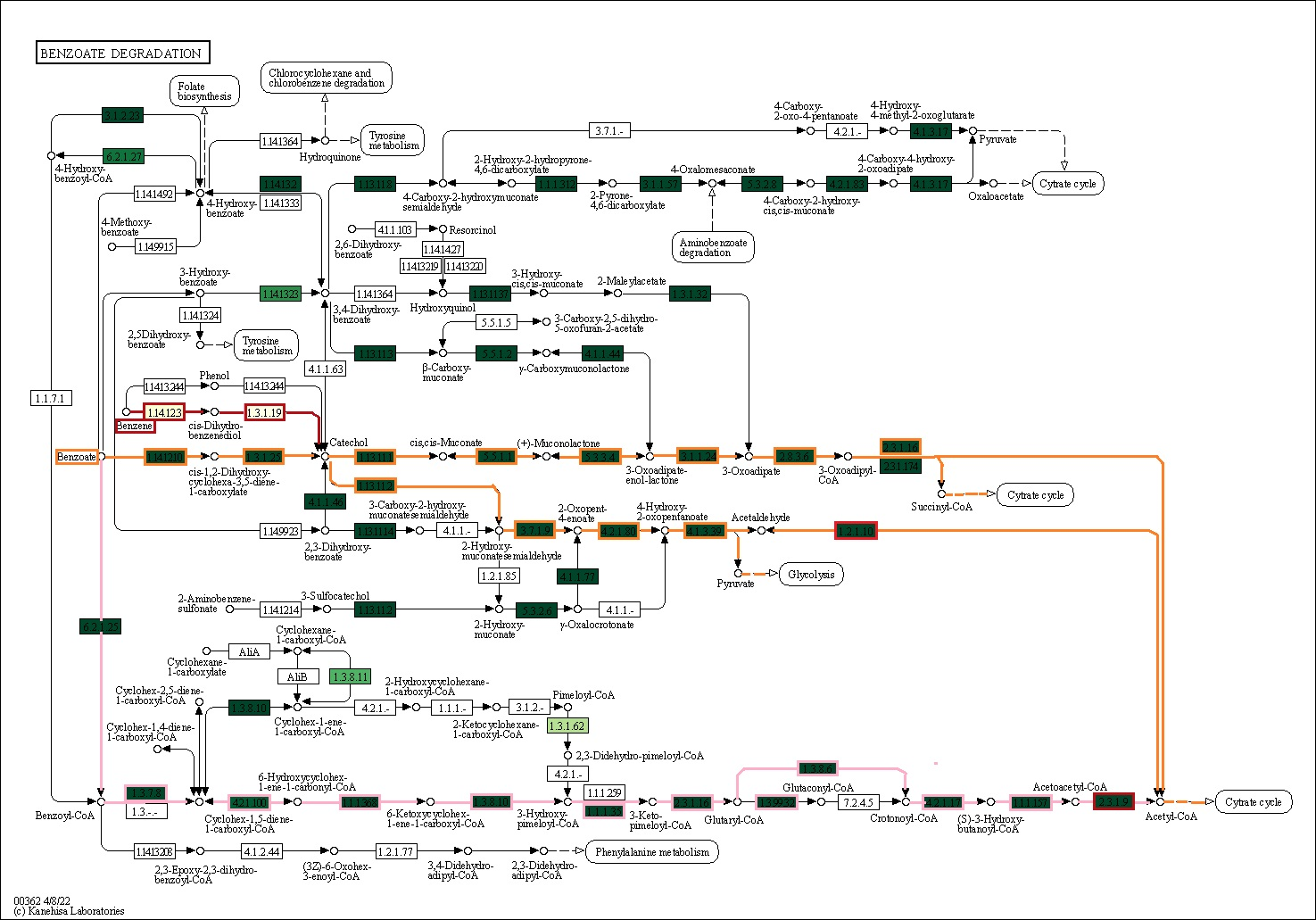
**Рисунок S6.** Карта пути “Метаболизм глиоксалата и дикарбоксилата” согласно базе данных KEGG. Цветом выделены ферменты, функционирование которых предсказано программой iVikodak у бактерий в обрастаниях. Интенсивность цвета обусловлена предполагаемой представленностью ферментов. Полный модуль деградации этан-1,2-диола (этиленгликоля) выделен красным.

****

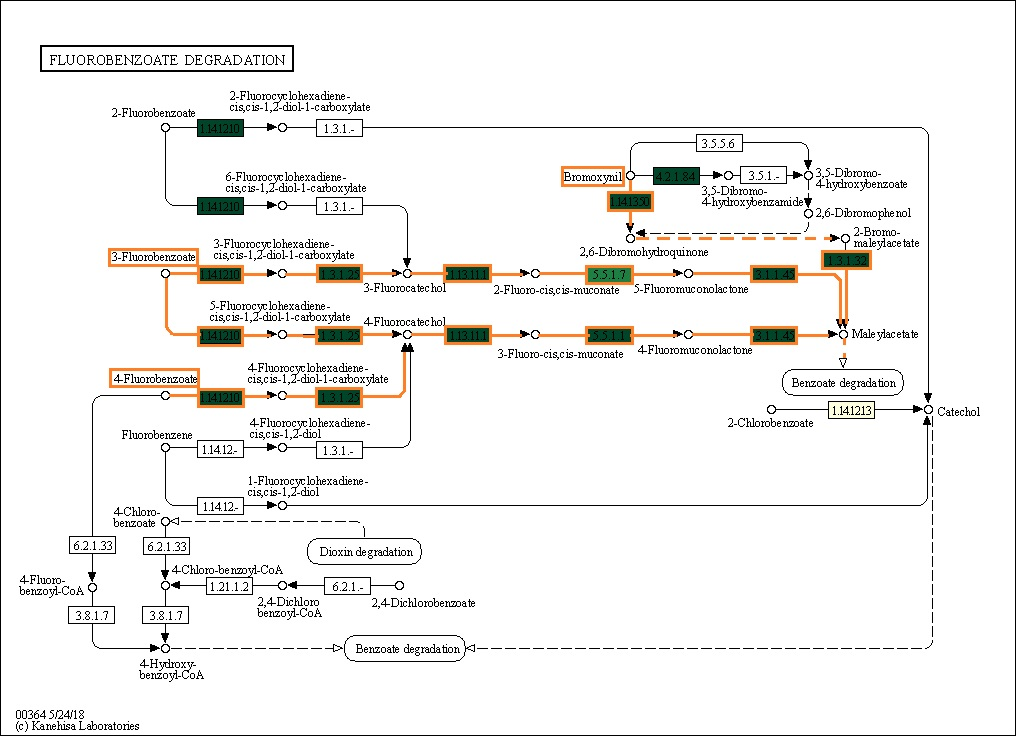
**Рисунок S7.** Карта пути “Деградация стирола” согласно базе данных KEGG. Цветом выделены ферменты, функционирование которых предсказано программой iVikodak у бактерий в обрастаниях. Интенсивность цвета характеризует предполагаемую представленность ферментов. Полный модуль деградации стирола выделен красным.

****

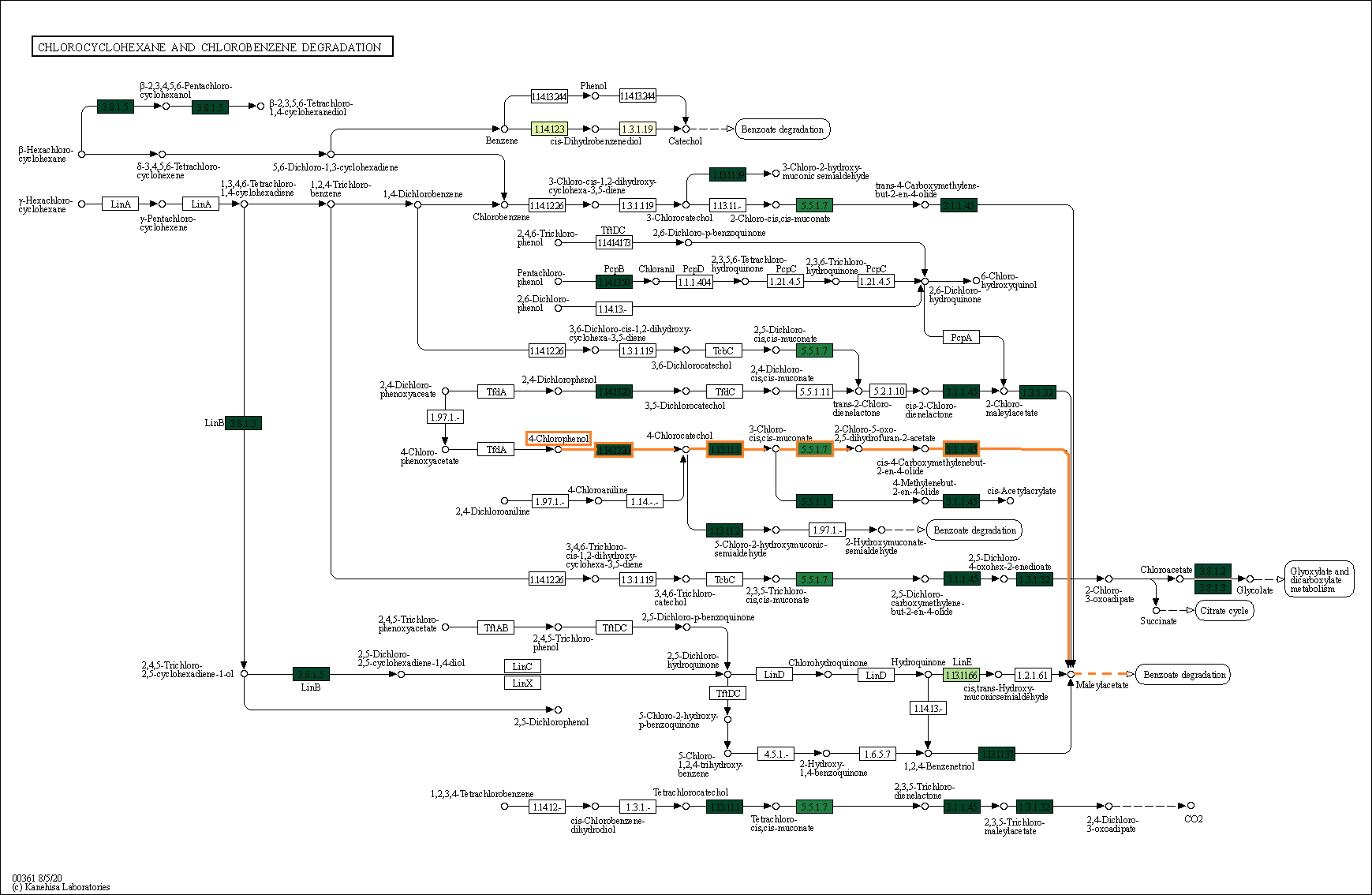
**Рисунок S8.** Карта пути “Метаболизм серы” согласно базе данных KEGG. Цветом выделены ферменты, функционирование которых предсказано программой iVikodak у бактерий в обрастаниях. Интенсивность цвета характеризует предполагаемую представленность ферментов. Полные модули ассимиляционной и диссимиляционной сульфатредукции выделены розовым.

****

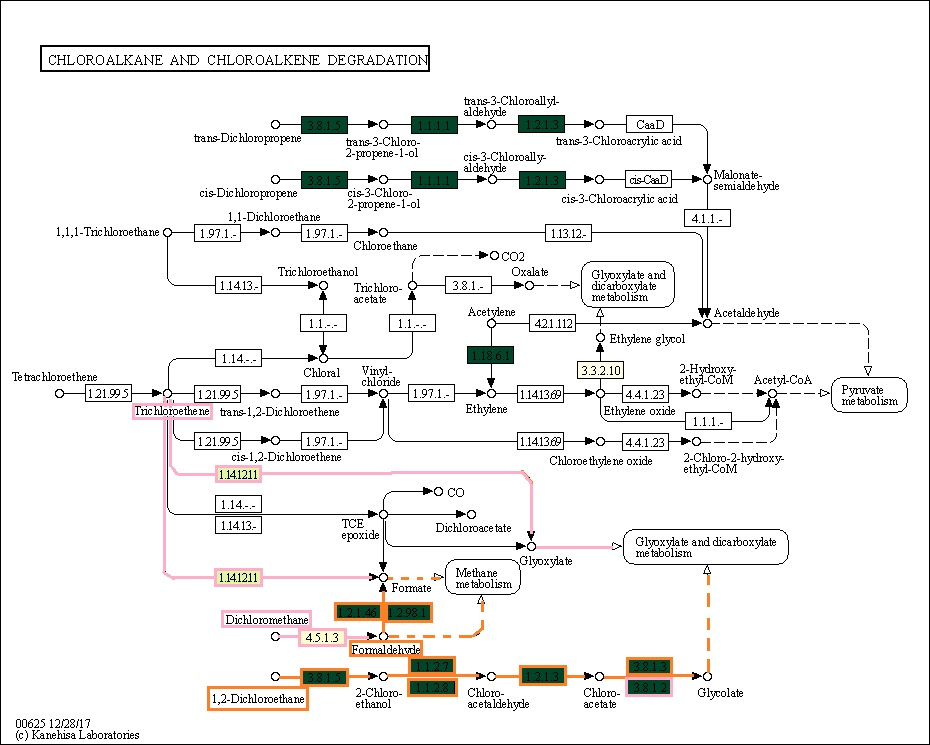
**Рисунок S9.** Карта пути “Деградация бензоата” согласно базе данных KEGG. Цветом выделены ферменты, функционирование которых предсказано программой iVikodak у бактерий в обрастаниях. Интенсивность цвета характеризует предполагаемую представленность ферментов. Полный модуль аэробной деградации бензоата выделен красным, анаэробной деградации бензоата розовым, деградации бензола – коричневым.



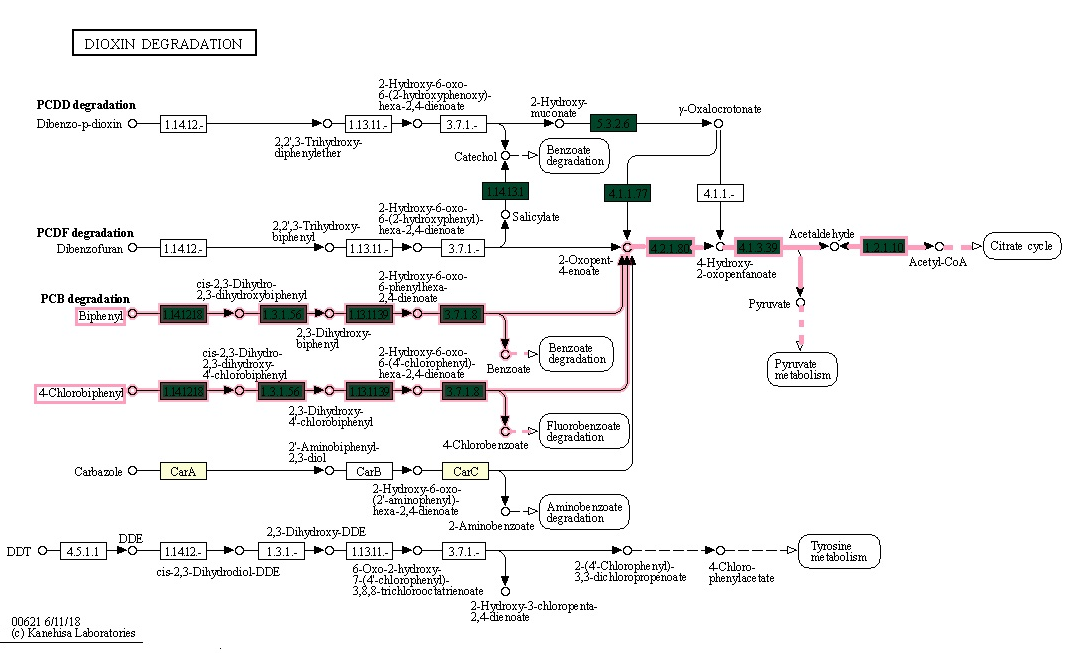
**Рисунок S10.** Карта пути “Деградация фторбензоата” согласно базе данных KEGG. Цветом выделены ферменты, функционирование которых предсказано программой iVikodak у бактерий в обрастаниях. Интенсивность цвета обусловлена предполагаемой представленностью ферментов. Полные модули деградации 2-, 3-, 4-фторбензоата и бромоксинила выделены красным.



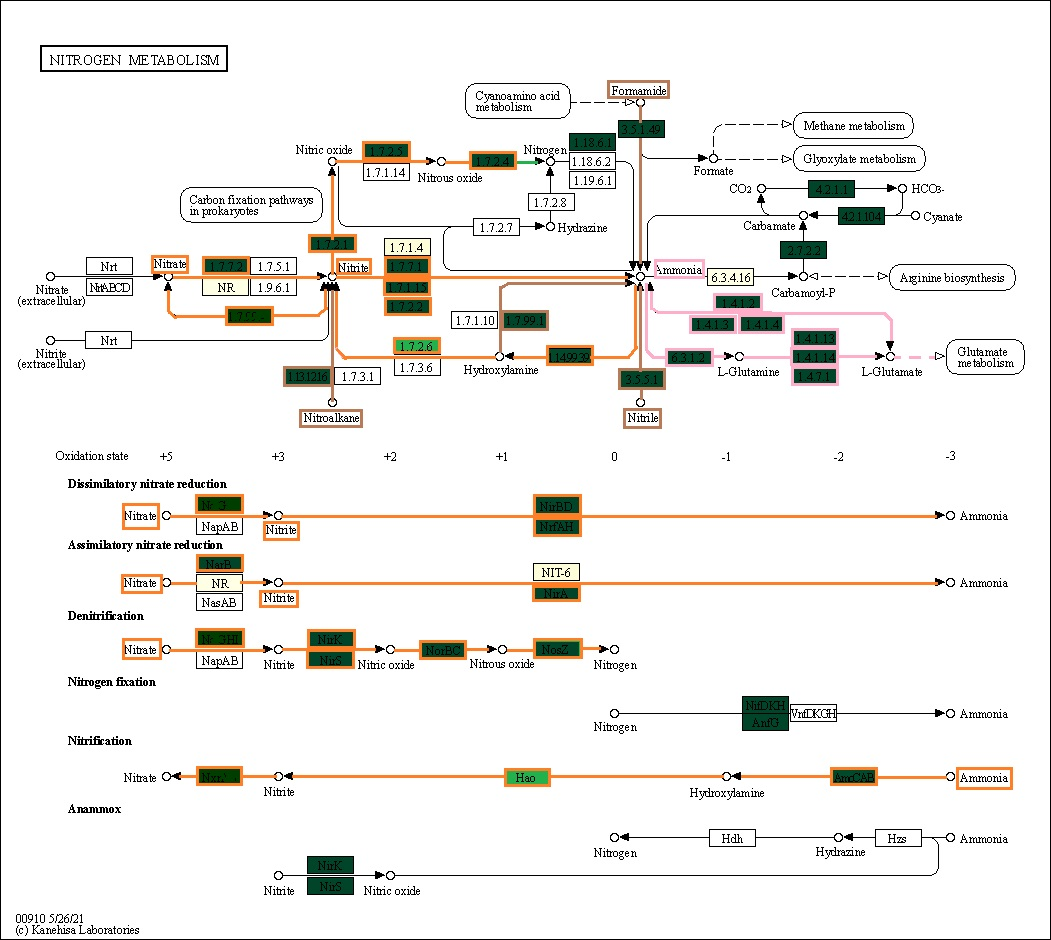
**Рисунок S11.** Карта пути “Деградация хлорциклогексана и хлорбензола” согласно базе данных KEGG. Цветом выделены ферменты, функционирование которых предсказано программой iVikodak у бактерий в обрастаниях. Интенсивность цвета обусловлена предполагаемой представленностью ферментов. Полный модуль деградации 4-хлорфенола выделен красным.



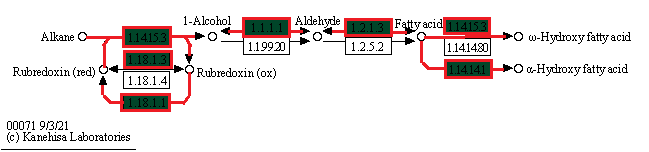
**Рисунок S12.** Карта пути “ Деградация хлоралканов и хлоралкенов” согласно базе данных KEGG. Цветом выделены ферменты, функционирование которых предсказано программой iVikodak у бактерий в обрастаниях. Интенсивность цвета обусловлена предполагаемой представленностью ферментов. Модули деградации 1,2-дихлорэтана и формальдегида выделены красным, а трихлорэтена и дихлорметана – розовым.



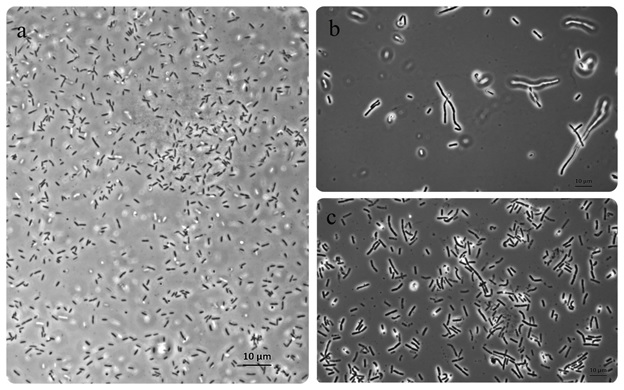
**Рисунок S13.** Карта пути “Деградация диоксинов” согласно базе данных KEGG. Цветом выделены ферменты, функционирование которых предсказано программой iVikodak у бактерий в обрастаниях. Интенсивность цвета обусловлена предполагаемой представленностью ферментов. Полные модули деградации бифенила и 4-хлорбифенила выделены розовым.



**Рисунок S14.** Карта пути “Метаболизм азота” согласно базе данных KEGG. Цветом выделены ферменты, функционирование которых предсказано программой iVikodak у бактерий в обрастаниях. Интенсивность цвета обусловлена предполагаемой представленностью ферментов. Полные модули ассимиляционной и диссимиляционной нитратредукции, денитрификации и нитрификации выделены красным. Модули окисления аммония выделены розовым. Модули катаболизма формальдегда, нитроалкана, нитрила и гидроксиламина выделены коричневым.



**Рисунок S15.** Прогнозируемый профиль ферментов пути метаболизма *н*-алканов в составе пути “Деградация жирных кислот” согласно базе данных KEGG. Цветом выделены ферменты, функционирование которых предсказано программой iVikodak у бактерий в обрастаниях. Интенсивность цвета обусловлена предполагаемой представленностью ферментов. Модуль деградации *н-*алканов выделен красным.



**Рисунок S16.** Морфология клеток выделенных штаммов бактерий *Brevundimonas bullata* L13-2 (a); *Bacillus thuringiensis* L12-1 (b); *Bacillus thuringiensis* L13-2 (c). Линейка, 10 мкм.