ПРИКЛАДНАЯ БИОХИМИЯ И МИКРОБИОЛОГИЯ /
APPLIED BIOCHEMISTRY AND MICROBIOLOGY. 2026. Т. 62. № 5. С. 674–686

DOI: 10.7868/S3034574X26050029 Обзор

УДК 579.695 : 628.35

БИОДЕГРАДАЦИЯ N,N-ДИМЕТИЛФОРМАМИДА КАК ОСНОВА ДЛЯ ЭФФЕКТИВНОЙ ОЧИСТКИ СТОЧНЫХ ВОД (ОБЗОР)

Н.А. Загустина[1], В.В. Миронов[2*], Н.Ю. Гречищева[3], Ж.А. Клименко[2], К.В. Ефремова[2]

[1]Институт биохимии им. А.Н. Баха, Федеральный исследовательский центр «Фундаментальные основы биотехнологии» Российской академии наук (ФИЦ Биотехнологии РАН), Москва, Российская Федерация

[2]Институт микробиологии им. С.Н. Виноградского Федеральный исследовательский центр «Фундаментальные основы биотехнологии» Российской академии наук (ФИЦ Биотехнологии РАН), Москва, Российская Федерация

[3]Российский государственный университет нефти и газа (национальный исследовательский университет) имени И.М. Губкина, Москва, Российская Федерация

**E-mail: 7390530@gmail.com*

Аннотация. В обзоре собраны сведения о микробиологической очистке сточных вод от N,N-диметилформамида (**ДМФА),** широко используемого в промышленности растворителя, представляющего серьезную экологическую и токсикологическую проблему. Рассмотрены основные пути аэробной биодеградации ДМФА (гидролитический и путь последовательного демитилирования), ферментативные механизмы и генетическая регуляция. Особое внимание уделено роли ключевых ферментов, таких как ДМФ-аза, а также организации генов деградации и механизмам их индукции. Проанализированы особенности анаэробной биодеградации, протекающей с участием синтрофных микробных сообществ, включая гидролизующие бактерии и метаногенные археи. Обсуждаются факторы, влияющие на эффективность деградации, включая температуру, pH, концентрацию субстрата и наличие дополнительных источников углерода. Приведены данные о видовом разнообразии микроорганизмов-деструкторов и их распространении в различных экосистемах. Рассмотрены современные биотехнологические подходы к очистке сточных вод, содержащих ДМФА, включая аэробные, анаэробные и комбинированные системы. Показано, что использование смешанных микробных культур и оптимизация условий процесса являются ключевыми факторами эффективной минерализации ДМФА.

Ключевые слова: N,N-диметилформамид, биодеградация, гидролитический путь, деметилирование, ДМФ-аза, аэробно-анаэробная деградация, сточные воды, ферментативные системы

Финансирование. Исследование проведено без привлечения дополнительного финанасирования.

Конфликт интересов. Авторы данной работы заявляют, что у них отсутствует конфликт интересов.

Вклад авторов. Все авторы внесли существенный вклад в разработку концепции и подготовку статьи.

Ссылка для цитирования: Загустина Н.А., Миронов В.В., Гречищева Н.Ю., Клименко Ж.А., Ефремова К.В. Биодеградация N,N-диметилформамида как основа для эффективной очистки сточных вод (обзор). *Прикладная биохимия и микробиология / Applied biochemistry and microbiology.* 2026. Т. 62. № 5. С. 674–686. https://doi.org/10.7868/S3034574X26050029

© Н.А. Загустина, В.В. Миронов, Н.Ю. Гречищева, Ж.А. Клименко, К.В. Ефремова, 2026

Сокращения: ДМФА – N,N-диметилформамид, NMGP – N-метилглутаматный путь, ДМФаза – N,N-диметилформамидаза.

PRIKLADNAYA BIOKHIMIYA I MIKROBIOLOGIYA /
APPLIED BIOCHEMISTRY AND MICROBIOLOGY, 2026, vol. 62, no. 5, pp. 674–686

DOI: 10.7868/S3034574X26050029 Original Article

BIODEGRADATION OF N,N-DIMETHYLFORMAMIDE AS THE BASIS FOR EFFICIENT WASTEWATER TREATMENT (REVIEW)

N.A. Zagustina[1], V.V. Mironov[2*], N.Yu. Grechishcheva[3], Zh.A. Klimenko[2], K.V. Efremova[2]

[1]Bach Institute of Biochemistry, Federal Research Center of Biotechnology, Russian Academy of Sciences, Moscow, Russian Federation

[2]Winogradsky Institute of Microbiology, Federal Research Center of Biotechnology, Russian Academy of Sciences, Moscow, Russian Federation

[3]Gubkin Russian State University of Oil and Gas (National Research University), Moscow, Russian Federation

**E-mail: 7390530@gmail.com*

Abstract. This review compiles current knowledge on the microbiological treatment of wastewater contaminated with N,N-dimethylformamide (DMF), a widely used industrial solvent that poses significant environmental and toxicological risks. We describe the primary aerobic biodegradation pathways of DMF — the hydrolytic route and the sequential demethylation route — together with the enzymatic mechanisms and genetic regulation that underlie them. Special emphasis is placed on the role of key enzymes such as DMFase, the genomic organization of degradation genes, and the mechanisms that induce their expression. Features of anaerobic DMF biodegradation are analyzed, with attention to syntrophic microbial consortia that include hydrolytic bacteria and methanogenic archaea. Factors affecting degradation efficiency are discussed, including temperature, pH, substrate concentration, and the availability of co-substrates. Data on the taxonomic diversity of DMF-degrading microorganisms and their distribution across different ecosystems are summarized. Contemporary biotechnological approaches for treating DMF-containing wastewater are reviewed, covering aerobic, anaerobic, and combined systems. We conclude that the use of mixed microbial cultures and process optimization are critical for achieving effective DMF mineralization.

Keywords: N,N-dimethylformamide, biodegradation, hydrolytic pathway, demethylation, DMFase, aerobic-anaerobic degradation, wastewater, enzymatic systems

Funding. The study was conducted without any additional funding.

Conflict of Interest: The authors of this work declare that they have no conflicts of interest.

Authors' contributions. All authors made significant contributions to the concept development and preparation of the article.

For citation: Zagustina N.A., Mironov V.V., Grechishcheva N.Yu., Klimenko Zh.A., Efremova K.V. Biodegradation of N,N-Dimethylformamide as the Basis for Efficient Wastewater Treatment (Review). *Prikladnaya biokhimiya i mikrobiologiya / Applied biochemistry and microbiology.* 2026;62(5):674–686. (In Russ.) https://doi.org/10.7868/S3034574X26050029

© N.A. Zagustina, V.V. Mironov, N.Yu. Grechishcheva, Zh.A. Klimenko, K.V. Efremova, 2026

ВВЕДЕНИЕ

N,N-диметилформамид (ДМФА; C_3H_7NO) известен как «универсальный растворитель» благодаря сочетанию уникальных свойств. ДМФА способен к растворению широкого спектра как полярных, так и неполярных веществ. Обладает относительно высокой температурой кипения (153 °C при нормальном давлении) и смешивается с водой в любых пропорциях, так как обладает высокой полярностью и образует водородные связи с молекулами воды.

Диметилформамид применяется во многих отраслях промышленности (Global Market Insights Inc., https://www.gminsights.com/industry-analysis/dimethylformamide-dmf-market). Основными потребителями ДМФА являются фармацевтическая и текстильная промышленность, производство полимеров и мембран. Уникальная комбинация свойств создает высокий технологический барьер для замены ДМФА. Альтернативные растворители часто превосходят его по одному параметру (например, диметилсульфоксид — по полярности), но существенно проигрывают по другим, что делает замену экономически и технически нецелесообразной для большинства устоявшихся процессов [26].

Спрос на ДМФА продолжает стабильно расти [32, 39], несмотря на доказанный вред его использования для здоровья человека и окружающей среды. Это обусловлено увеличением спроса на синтетические волокна и полиуретаны, а также увеличением объемов производства химической и фармацевтической промышленности. Market Growth Reports 2024 (https://www.gminsights.com/industry-analysis/dimethylformamide-dmf-market) оценивает глобальное производство ДМФА на уровне 650–900 тыс. т/год. По прогнозам, рынок диметилформамида будет демонстрировать значительный рост в ближайшее десятилетие (Data Bridge Market Research, https://www.marketgrowthreports.com/market-reports/dimethylformamide-dmf-market-107329, Global Market Insights, 2024, https://www.gminsights.com/industry-analysis/dimethylformamide-dmf-market).

Доказаны несколько направлений воздействия ДМФА на организм человека. Ключевым является гепатотоксический эффект, так как основной метаболизм ДМФА происходит в печени. Метаанализ показал, что основным путем поступления ДМФА в организм является перкутанный, то есть при контакте кожи с жидкостью или парами [1, 23]. Также выявлена проблема воздействия ДМФА на репродуктивную систему, в первую очередь женскую, что выражается в повышении рисков выкидышей, врожденных пороков развития и др. [10].

Учитывая масштаб использования ДМФА, загрязнение окружающей среды данным веществом становится неизбежным. Так, например, ежегодный объем сточных вод, содержащих ДМФА, образующихся в Китае, лидере в производстве и применении ДМФА, достигает 100 млн т, что делает эту отрасль основным источником жидких отходов ДМФА [7].

Рынок ДМФА в ЕС составляет 20–30 тысяч в год, что делает его наиболее часто используемым амидным растворителем, имеющим более низкую цену и более низкую температуру кипения, чем структурно схожие. При этом исследования показывают, что более 5000 т отходов ДМФА ежегодно попадает в окружающую среду и значительная их концентрация наблюдается в химических и фармацевтических промышленных парках [7, 37].

В настоящее время для очистки сточных вод, содержащих ДМФА, применяются различные физико-химические методы, такие как адсорбция, экстракция, дистилляция, мембранные процессы и др. [12]. Однако, несмотря на эффективность, эти методы отличаются высокой стоимостью и могут сопровождаться образованием вторичных отходов или побочных токсичных соединений. В этом контексте все большее внимание исследователей привлекают методы биологической деструкции ДМФА, которые рассматриваются как наиболее перспективная и экономически целесообразная альтернатива очистки крупных объемов сточных вод. Однако их применение требует проведения исследований по поиску микроорганизмов, способных к деструкции ДМФА, выбору условий для оптимальной деградации и др.

Цель настоящего обзора – обобщение материалов по современному состоянию проблемы биодеградации ДМФА с целью применения их в технологиях биологической очистки сточных вод, загрязненных ДМФА для интенсификации процесса очистки и выработки возможных направлений исследований.

ПУТИ БИОДЕГРАДАЦИИ

Известны два основных метаболических пути аэробной биодеградации ДМФА, различающиеся начальными стадиями трансформации молекулы и набором ферментных систем – гидролиз и последовательное деметилирование (рис. 1) [6, 34].

Гидролитический путь обычно обнаруживается у метилотрофных бактерий, осуществляющих гидролиз. Фермент ДМФ-аза гидролизует ДМФА, разрывая связь между азотом и карбонильным углеродом, с образованием диметиламина и муравьиной кислоты. Этот фермент обнаружен у представителей родов *Paracoccus, Alcaligenes, Methylobacterium* и др. [24]. На следующем этапе диметиламин (ДМА) превращается в метиламин под действием фермента ДМА-дегидрогеназы. В свою очередь метиламин может подвергаться превращениям по двум путям: разложение на формальдегид

и аммиак под действием метиламин-дегидрогеназы и N-метилглутаматный путь (NMGP) - более сложный путь с участием нескольких ферментов. На заключительном этапе образующиеся одноуглеродные соединения (формальдегид, муравьиная кислота) и аммиак включаются в центральный метаболизм клетки, превращаясь в CO_2, воду и биомассу [9]. Однако исследования геномов показывают, что у большинства микроорганизмов, использующих этот путь, отсутствуют гены для дальнейшего метаболизма образующегося на первых этапах метиламина [21, 24], что приводит к его накоплению в среде.

Альтернативный механизм, известный как окислительный путь, реализуется через последовательное деметилирование ДМФА с образованием метилформамида, формамида и формальдегида при участии оксигеназ и дегидрогеназ. Исследования показывают, что этот путь распространен у бактерий классов α- и β-Proteobacteria, а также у Actinobacteria и чаще наблюдается в аэробных или микроаэробных условиях [21]. На первом этапе происходит ферментативное окислительное деметилирование ДМФА, в результате которого образуются метилформамид и формальдегид. Метилформамид затем вступает в аналогичную реакцию: отщепляется вторая метильная группа, что приводит к образованию формамида и еще одной молекулы формальдегида. На заключительной стадии формамид гидролизуется под действием фермента формамидазы с образованием аммиака и муравьиной кислоты.

Конечными продуктами обоих метаболических путей являются ионы аммония (NH_4^+) и диоксид углерода (CO_2). Однако при недостаточной активности или отсутствии некоторых ферментов возможно накопление промежуточных соединений — диметиламина, метиламина и формамида.

Полным набором генов, необходимых для конечной минерализации ДМФА до CO_2 и воды, обладают представители лишь некоторых родов, например *Paracoccus, Rhodococcus, Achromobacter* и *Pseudomonas.* При этом доля таких организмов среди всех, у кого обнаружена способность к биодеградации, составляет всего около 5% [21]. Этот факт важен для практического применения микроорганизмов при очистке сточных вод, так как из него следует необходимость использования смешанных культур для полной минерализации ДМФА.

ФЕРМЕНТЫ И ГЕННАЯ РЕГУЛЯЦИЯ

Из двух основных путей аэробной биодеградации наиболее изученным является гидролитический путь (путь 1, рис. 1), инициируемый ключевым ферментом N,N-диметилформамидазой (ДМФазой).

ДМФаза катализирует первую и ключевую стадию деградации, гидролизуя ДМФА до ДМА и формиата. ДМФаза состоит из двух субъединиц — легкой (α) и тяжелой (β), кодируемых генами dmfA1 и dmfA2 [24]. Данные гены часто организованы в кластеры и могут располагаться как на плазмидах, так и на хромосоме. Так, у штамма *Methylobacterium sp. DM1* все гены, необходимые для начальных этапов разложения ДМФА, локализованы на мегаплазмиде pLVM1 размером 200 т.п.н. Потеря этой плазмиды приводит к полной утрате способности роста на ДМФА.

У большинства изученных микроорганизмов экспрессия генов деградации ДМФА является индуцибельной, то есть запускаемой в присутствии субстрата [24, 29]. Идентифицирован ген dmfR, кодирующий белок семейства транскрипционных регуляторов LuxR, который отвечает за регуляцию активности синтеза ДМФазы. Белки семейства LuxR широко известны своей способностью включать или выключать гены в зависимости от внешних сигналов или плотности популяции, так микроорганизмы подстраиваются под меняющиеся условия. Гены dmfR, dmfA1 и dmfA2 расположены последовательно и образуют единый оперон. В отсутствие ДМФА оперон неактивен. При появлении ДМФА в среде белок dmfR, предположительно взаимодействуя с ним, активирует транскрипцию оперона, что приводит к синтезу ДМФазы и самого регулятора (положительная обратная связь).

Однако обнаружены штаммы и с конститутивной экспрессией генов. Так, исследование *Mesorhizobium tamadayense* MM3441 показало, что эффективный штамм-деструктор ДМФА использует классический гидролитический путь с ключевым ферментом ДМФазой [27], и главной отличительной чертой штамма является конститутивная экспрессия этого фермента.

Дальнейший метаболизм диметиламина и метиламина осуществляется с помощью экспрессии генов кластера mau (в случае превращения метиламина по первому пути) и генов N-метилглутаматного пути: gmaS, mgsABC, mgdABCD (в случае превращения метиламина по второму пути).

В отличие от гидролитического пути, где молекула ДМФА расщепляется ДМФазой с образованием диметиламина и формиата, альтернативный путь (окислительное деметилирование, путь 2, рис. 1) изучен в меньшей степени. Гены, кодирующие фермент этого пути, в настоящее время точно не идентифицированы. Предположительно, фермент может относиться к семейству оксидаз со смешанной функцией — например, к цитохрому P450 или флавин-зависимым монооксигеназам [34, 40].

Единственным ферментом данного пути, являющимся достаточно полно охарактеризованным, является формамидаза. Он катализирует заключительную стадию – гидролиз формамида до аммиака и формиата.

В табл. 1 представлены данные последних исследований, посвященных генам, контролирующим биодеградацию ДМФА.

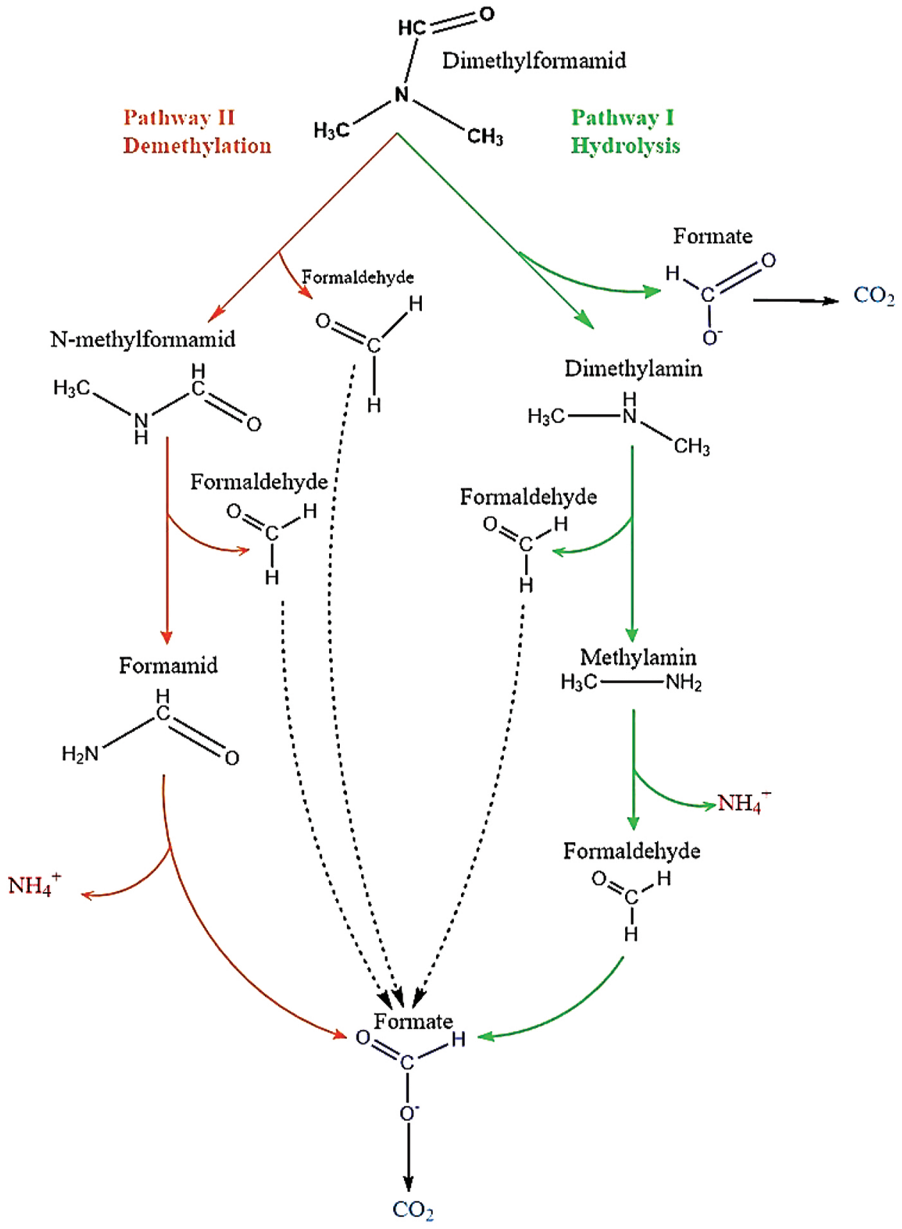

Рис. 1. Основные пути аэробной биодеградации N,N-диметилформамида [9, 24]
Fig. 1. Main Pathways for the Aerobic Biodegradation of N,N-Dimethylformamide

Таблица 1. Характеристика генов деградации ДМФА у различных штаммов бактерий

Table 1. Characterization of DMF Degradation Genes in Various Bacterial Strains

Вид/штамм	Ключевые гены	Локализация генов	Регуляция синтеза	Ссылка
Ochrobactrum sp. DGVK1	dmfA1, dmfA2	не описана	Индуцибельная	[29]
Methylobacterium sp. DM1	dmfA1A2, dmmABCD, mau, gmaS, mgsABC, mgdABCD	Плазмида pLVM1	Индуцибельная	[24]

Таблица 1. Продолжение

Table 1. (Contd.)

Вид/штамм	Ключевые гены	Локализация генов	Регуляция синтеза	Ссылка
Paracoccus aminophilus JCM 7686	dmfA1, dmfA2, dmfR	Плазмида pAMI2	Индуцибельная	[8]
Paracoccus sulfuroxidans DM175A1-1	dmfA1, dmfA2	Хромосома	не описано	[40]
Mesorhizobium tamadayense MM3441	не описаны	не описаны	Конститутивная	[27]
Смешанное микробное сообщество (ключевые роды: *Methanolobus*, *Desulfomicrobium*	dmfA1, dmfA2, dmfR, dmfB	Хромосома, плазмида pAMI2	не описана	[18]

АНАЭРОБНАЯ БИОДЕГРАДАЦИЯ

Долгое время ДМФА рассматривали как соединение, устойчивое к разложению в анаэробных условиях. В работе Конг с соавт. [15] было установлено, что ДМФА практически не разлагался при добавлении в обычный осадок анаэробного сбраживания. Это объясняется отсутствием в осадке анаэробных микроорганизмов, которые катализируют первую стадию биодеградации — гидролиз ДМФА до диметиламина и муравьиной кислоты — и тем самым делают субстрат недоступным для сбраживания.

Однако дальнейшие исследования показали, что полная конверсия ДМФА в метан возможна в анаэробных условиях, но только при со-культивировании анаэробного и аэробного активного ила, включающего функционально различные группы бактерий и архей.

В настоящее время принят следующий путь биодеградации ДМФА как наиболее характерный [11,14,15,16]. На начальном этапе факультативно-анаэробные бактерии, например, *Paracoccus, Hyphomicrobium* (источником которых является аэробный ил) гидролизуют ДМФА до ДМА и муравьиной кислоты. Однако такие ДМФА-гидролизующие бактерии, как правило, характеризуются медленным ростом и низкой численностью, вследствие чего их отсутствие или недостаток ограничивает протекание процесса в полностью анаэробных системах.

На последующем этапе метаногенеза образовавшиеся промежуточные продукты (ДМА и муравьиная кислота) утилизируются метаногенными археями, среди которых выделяют метилотрофные формы, использующие диметиламин и гидрогенотрофные формы, использующие водород и формиат. Метилотрофные метаногены преобразуют ДМА в метан, тогда как гидрогенотрофные и ацетотрофные метаногены потребляют H_2/CO_2 и ацетат, которые также могут образовываться на предыдущих стадиях.

Эффективность анаэробной деградации ДМФА определяется кооперацией гидролизующих бактерий и метаногенов, а также балансом между ними, поскольку конкуренция за промежуточные субстраты может снижать численность ключевых бактерий и ограничивать скорость процесса. В последних исследованиях идентифицированы ключевые таксоны, участвующие в анаэробной деградации ДМФА, включая роды *Rhodobacter, Methyloversatilis* и метаногенные археи, такие как *Methanomethylovorans*, которые играют центральную роль в устойчивости и функционировании микробного сообщества [34, 38].

Анаэробная биодеградация ДМФА рассматривается как энергоэффективная альтернатива аэробным методам очистки сточных вод, поскольку не требует аэрации и сопровождается образованием метана, что позволяет частично компенсировать эксплуатационные затраты [31]. Дополнительным преимуществом является существенно меньший выход избыточного ила. Показано, что в современных реакторах, таких как UASB (Upflow Anaerobic Sludge Blanket), и анаэробных мембранных биореакторах при оптимальных условиях возможно достижение степени удаления ДМФА и органического вещества на уровне 90–97% [14, 5].

В то же время ключевым ограничением анаэробного процесса является низкая скорость биоразложения, обусловленная медленным гидролизом ДМФА до диметиламина и формиата, который является лимитирующей стадией. Эффективность также зависит от устойчивости микробных сообществ, включающих гидролизующие бактерии и метаногенные археи. Их дисбаланс и ингибирующее действие высоких концентраций ДМФА могут снижать скорость очистки [15]. В связи с этим анаэробные технологии чаще применяются в составе комбинированных схем с последующей

аэробной доочисткой, что позволяет совместить энергетические преимущества анаэробного этапа с высокой степенью удаления загрязнений.

ВИДОВОЕ РАЗНООБРАЗИЕ

В местах хронического загрязнения ДМФА у микроорганизмов наблюдается способность к его ускоренной биодеградации. Так, согласно [25,42], самыми распространенными источниками штаммов, способных к разложению растворителя, являются промышленные стоки производств, использующих ДМФА, а также активный ил очистных сооружений, где концентрация этого соединения повышена.

На настоящий момент выделено значительное число штаммов, демонстрирующих способность к деструкции ДМФА. Так, в недавнем исследовании, группа ученых проанализировала 20 тысяч полных геномов прокариот и обнаружила 952 генома, которые содержат гены, отвечающие за разложение ДМФА, что указывает на способность соответствующих организмов к его биодеградации [21]. Эти геномы филогенетически распределены по 10 типам бактерий: *Acidobacteria, Actinobacteria, Bacteroidetes, Chloroflexi, Cyanobacteria, Firmicutes, Nitrospira, Planctomycetes, Proteobacteria, Verrucomicrobia*. Авторы показали, что потенциал к биодеградации ДМФА характерен для значительного количества видов, присутствует и даже впервые выявили его у архей, но с важной оговоркой, что речь идет лишь о наличии генов, связанных с деградацией ДМФА, в некоторых архейных геномах. Конкретные штаммы архей, способные напрямую разлагать ДМФА, авторами не указывались. Вместе с тем в работе представлены метаногенные археи, такие как *Methanomethylovorans* и *Methanobrevibacter*, которые участвуют в разложении промежуточных соединений, образующихся в процессе биодеградации ДМФА — диметиламина и муравьиной кислоты.

Современные исследования переходят от скрининга новых штаммов к выявлению условий, стимулирующих деградацию, и механизму микробных взаимодействий, что критически важно для практического внедрения технологий очистки от ДМФА.

В табл. 2 представлены результаты последних исследований, направленных на определение оптимальных условий для биодеградации ДМФА.

Таблица 2. Условия и эффективность аэробной деградации ДМФА различными штаммами

Table 2. Conditions and Efficiency of Aerobic DMF Degradation by Various Strains

Вид/ Штамм	Источник	Оптимальные условия	Эффективность деградации ДМФА	Ссылка
Paracoccus sp. DMF-3	Активный ил очистных сооружений производства ДМФА	30 °C, pH 7.0, минимальная минеральная (ММ) среда с ДМФА 1000-5000 мг $л^{-1}$, без альтерна-тивных источников углерода и азота	100% (1000 мг $л^{-1}$); 98% (5000 мг $л^{-1}$) за 84 ч	[42]
Paracoccus sp. MKU1	Сточные воды текстильной промышленности	32 °C, pH 7.2, среда ММ с ДМФА (1 об.% ~9400 мг $л^{-1}$)	55% (1000 мг $л^{-1}$) за 120 ч 86% (с ацетатом — доп. источником С) за 120 ч	[25]
Paracoccus sp. MKU2	Иловый осадок сточных вод шинного завода		46% (1000 мг $л^{-1}$) за 120 ч , 80% (с доп. источником С ацетатом) за 120 ч	
Paracoccus sp. DMF	Бытовые сточные воды	37 °C, диапазон pH 7.0, минимальная минеральная (ММ) среда с ДМФА 400 мг $л^{-1}$, отсутствие альтернативных источников углерода и азота	90% за 24 ч	[28]

Таблица 2. Продолжение

Table 2. (Contd.)

Вид/ Штамм	Источник	Оптимальные условия	Эффективность деградации ДМФА	Ссылка
Methylobacterium sp. DM1	Нет данных	30 °C, pH 7.0, минеральная солевая среда (MSM) с ДМФА 2000 мг $л^{-1}$	100% за 28 ч	[24]
Ochrobactrum sp. DGVK1	Образцы почвы из угольного карьера	30 °C, ММ среда с ДМФА (0.5 – 1.0 об.% ~4700- 9400 мг $л^{-1}$), pH 7.0 отсутствие альтернативных источников углерода и азота	95% за 96 ч (0.5 об.% ~4700 мг $л^{-1}$) 81% за 96 ч (1%~9400 мг $л^{-1}$)	[29]

ФАКТОРЫ, ВЛИЯЮЩИЕ НА ЭФФЕКТИВНОСТЬ БИОДЕГРАДАЦИИ ДМФА

Температура. Температура влияет как на метаболическую активность микроорганизмов-деструкторов, так и на физико-химические свойства самого ДМФА. Наиболее эффективно биодеградация ДМФА происходит в диапазоне температур 25–35°C [5]. Для подавляющего большинства выделенных штаммов-деструкторов оптимальная температура составляет 30 °C. Длительные эксперименты с биофильтрами показывают, что переход к термофильным условиям приводит к заметному снижению эффективности удаления ДМФА [20].

Влияние pH. Большинство изученных культур выделены из незагрязненных или умеренно загрязненных источников со слабокислой или нейтральной реакцией среды (pH от 6.0 до 7.0). В связи с накоплением аммиака – конечного продукта биодеградации ДМФА, pH среды может постепенно повышаться. В работе [30] было показано увеличение pH с 7.0 до 9.2 в течение 10-дневного эксперимента. Авторы работы [42] установили, что оптимальным начальным pH является 6.0.

Концентрация ДМФА. Концентрация субстрата определяет как токсическое воздействие на микроорганизмы, так и скорость биодеградации. Различные штаммы демонстрируют разную устойчивость к ДМФА. В общем случае эффективное разложение происходит при концентрации ДМФА от 0.5 до 2.0% об./об. [28, 41, 42]. Дальнейшее повышение его содержания в системе приводит к снижению активности микроорганизмов и ингибированию процесса. Так, эффективность удаления ДМФА при его концентрации 5000–30 000 мг/л активным илом, обогащенным штаммами, принадлежащими к *Paracoccus sp*. достигала 100%. Однако процесс замедлялся при увеличении концентрации ДМФА до 10 000 мг/л и выше. При этом начальная концентрация ДМФА выше 60 000 мг/л способствовала ингибированию роста *Paracoccus* sp. strain DMF-3 [42]. Ключевым фактором успешной деградации высоких концентраций ДМФА является использование штаммов, выделенных непосредственно из загрязненных этим веществом источников, и их дополнительная адаптация.

Присутствие других источников углерода и азота. ДМФА в сточных водах может служить единственным источником углерода и азота для бактерий. Однако в реальных системах очистки сточных вод часто присутствуют и другие источники питательных элементов для бактерий, которые необходимо учитывать при оценке эффективности разложения ДМФА.

Ниша с соавт. [25] исследовали эффективность разложения ДМФА в присутствии второго источника углерода (уксусная кислота, глюкоза). В работе использовались штаммы *Paracoccus* sp. MKU1 и *Paracoccus* sp. MKU2 — бактериальные изоляты, принадлежащие роду Paracoccus, способные к образованию биопленок и использованию ДМФА в качестве источника углерода и энергии. Штаммы были выделены из сточных вод и шламов предприятий текстильной и шинной промышленности, загрязненных ДМФА. Результаты показали, что при добавлении уксусной кислоты эффективность разложения ДМФА штаммом MKU1 увеличилась до 86.6%. После добавления глюкозы к штамму MKU1 и уксусной кислоты к MKU2 степень разложения ДМФА достигала 82.7% и 80.0% соответственно. Результаты свидетельствуют о том, что введение дополнительных источников углерода

может способствовать повышению устойчивости деградирующих ДМФА микроорганизмов к его токсическому воздействию, что ведет к увеличению скорости биодеградации. Вероятно, этот эффект связан с увеличением метаболической активности клеток и стимуляцией формирования биопленки, что, в свою очередь, повышает эффективность разложения ДМФА.

Влияние вторичных источников углерода на биодеградацию ДМФА не является однозначным и зависит от конкретных условий и микроорганизмов. В некоторых случаях дополнительные субстраты могут замедлять процесс, что связано с изменением метаболических путей и конкурентными взаимодействиями в микробном сообществе [11, 15].

СИСТЕМЫ ОЧИСТКИ СТОЧНЫХ ВОД, СОДЕРЖАЩИХ ДМФА

В настоящее время для биологической очистки сточных вод, загрязненных ДМФА, применяются различные типы биореакторов, включая аэробные, анаэробные, аноксидные и мембранные системы, а также комбинированные установки. Выбор технологии определяется составом сточных вод, концентрацией ДМФА и требованиями к степени очистки [17].

В большинстве современных работ по очистке стоков, загрязненных ДМФА, наиболее перспективными считаются анаэробные системы UASB (Upflow Anaerobic Sludge Blanket – реактор с восходящим потоком и анаэробным иловым слоем) и SAnMBR/AnMBR (Submerged Anaerobic Membrane Bioreactor – погружной анаэробный мембранный биореактор) [22], а также гибридные с последовательными анаэробно-аэробными системами [4, 12, 13]. Ключевым преимуществом анаэробных систем является возможность преобразования органического вещества в биогаз, что повышает энергетическую эффективность процесса [24].

Анаэробные биореакторы. Реакторы типа UASB (Up-flow anaerobic sludge blanket) широко используются для обработки сточных вод с высоким содержанием органических растворителей. Показано, что такие системы способны обеспечивать высокую степень удаления ДМФА при умеренных органических нагрузках. Например, в серии работ Конга с соавт. [12, 18] биореактор UASB при обработке модельных стоков с концентрацией ДМФА около 2000 мг/л показал эффективность удаления токсиканта выше 96%. Однако при повышении нагрузки наблюдалось снижение устойчивости микробного консорциума. К принципиальным особенностям установки авторы относят восходящий поток жидкости, гранулированный анаэробный ил, высокую концентрацию биомассы и возможность получения метана [32].

Анаэробные мембранные биореакторы. Одним из наиболее перспективных направлений является применение анаэробных мембранных биореакторов AnMBR (anaerobic membrane bioreactor) [2]. Использование мембран позволяет эффективно удерживать биомассу и поддерживать высокую концентрацию активного ила, что способствует стабильной деградации ДМФА даже при высоких нагрузках [17, 22]. Главный недостаток таких систем — загрязнение мембраны, требующее контроля, промывок и оптимизации гидродинамики процесса [36].

Аэробные системы. Классические аэробные системы применяются для первичной адаптации деградирующих ДМФА микроорганизмов и для доочистки после анаэробной стадии. Однако при высоких концентрациях ДМФА аэробные системы требуют значительной аэрации, что приводит к высоким эксплуатационным энергозатратам. Высокая токсичность ДМФА и его промежуточных продуктов может ограничивать эффективность аэробных процессов, особенно при высоких концентрациях загрязнителя [35, 19]. В связи с этим аэробные системы чаще используются в комбинации с анаэробной предварительной обработкой. Для разбавленных или природных вод могут применяться фитобиореакторные системы типа Eco-tank [35]. Такая технология представляет собой гибридный подход, сочетающий биологические и фиторемедиационные методы в рамках единой установки. Это каскад из пяти последовательно соединенных резервуаров, который имитирует естественное течение реки. Внутри каждого резервуара находятся микроорганизмы, носители для биопленки и несколько видов плавающих водных растений.

Аноксидные (денитрифицирующие) системы. Аноксидные биореакторы рассматриваются как перспективный вариант для одновременного удаления органических соединений и азота. В таких системах микроорганизмы используют нитраты (NO_3^-) как окислитель вместо кислорода. ДМФА может использоваться в качестве источника углерода для денитрифицирующих микроорганизмов, что способствует эффективному протеканию процессов нитратредукции [31]. Нитраты восстанавливаются при этом до N_2. Такой подход особенно актуален для сточных вод со сложным составом, содержащих как органические растворители, так и соединения азота [17].

Гибридные системы. Распространение получают гибридные технологические схемы, включающие комбинацию анаэробных, аэробных и мембранных процессов. Такие системы обеспечивают более высокую устойчивость микроорганизмов к токсическим воздействиям и позволяют достигать глубоких степеней очистки [4].

Практика показывает, что для очистки сточных вод, содержащих ДМФА, наиболее эффективно применение многостадийных схем, включающих анаэробную стадию, последующую аэробную доочистку и, при необходимости, мембранную фильтрацию. Системы типа AnSBR–ASBR используют разделение стадий: анаэробная стадия обеспечивает гидролиз и метаногенное превращение ДМФА, а аэробная стадия стабилизирует остаточные органические вещества и азотсодержащие продукты [3, 33]. Такие системы позволяют минимизировать ингибирующее воздействие высоких концентраций ДМФА и его метаболитов на микробное сообщество реактора за счет физического разделения процесса на анаэробный и аэробный, а также обеспечивают более стабильную работу при переменных нагрузках.

***

В обзоре обобщены современные данные о биодеградации N,N-диметилформамида как токсичного растворителя, поступающего в окружающую среду со сточными водами. Ключевым условием успешной минерализации ДМФА выступает не столько наличие отдельных штаммов-деструкторов, сколько формирование функционально активных микробных сообществ, способных к полной конверсии данного растворителя без накопления токсичных промежуточных продуктов (диметиламина, метиламина, формамида). Эффективная минерализация ДМФА зависит от наличия полного набора ферментов, что обуславливает необходимость формирования смешанных микробных сообществ для предотвращения накопления промежуточных продуктов.

Современный этап исследований характеризуется переходом от поиска отдельных микроорганизмов-деструкторов к изучению регуляции метаболических путей, межвидовых взаимодействий и устойчивости микробных консорциумов в условиях токсических нагрузок. Наиболее перспективным направлением представляется применение сформированных и адаптированных микробных сообществ, способных поддерживать стабильную деградацию ДМФА при высоких концентрациях загрязнителя и переменном составе сточных вод.

В связи с этим наибольший практический интерес представляют комбинированные аэробно-анаэробные методы очистки. Использование многостадийных схем позволяет разделять этапы гидролиза, метаногенеза и доокисления промежуточных соединений, снижая ингибирующее действие ДМФА и его метаболитов на микробное сообщество и повышая устойчивость процесса. Особенно перспективными выглядят анаэробные мембранные биореакторы и гибридные системы, обеспечивающие высокую степень удержания биомассы и возможность энергетической утилизации загрязнителя через образование метана.

Установлено, что на эффективность процесса очистки влияют температура, pH, концентрация ДМФА и наличие дополнительных источников углерода. Отдельного внимания требует изучение механизмов ингибирующего действия высоких концентраций ДМФА и его метаболитов, а также разработка стратегий повышения толерантности микробных систем. Особую актуальность представляет изучение синтрофных взаимодействий в смешанных культурах, обеспечивающих полную минерализацию ДМФА без накопления промежуточных соединений.

Дальнейшие исследования должны быть направлены на изучение микробных взаимодействий и оптимизацию условий биологической очистки сточных вод от ДМФА.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ/ REFERENCES

1. Antoniou, E. E., Gelbke, H.-P., Ballach, J., & Zeegers, M. P., The influence of airborne N,N-dimethylformamide on liver toxicity measured in industry workers: A systematic review and meta-analysis. *Toxicol. Res. Appl*. 2020, vol. 4, https://doi.org/10.1177/2397847319899080
2. Aslam, A., Khan, S.J., Shahzad, H.M.A. Anaerobic membrane bioreactors (AnMBRs) for municipal wastewater treatment- potential benefits, constraints, and future perspectives: An updated review. *Sci. Total Environ*. 2021, vol. 802, no. 2, p. 149612. https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2021.149612
3. Cao, L., Su, C., Lu, Y.,et al. Long-term performance study applying a tandem AnSBR-ASBR to treat wastewater containing N, N-dimethylformamide: Sludge physicochemical properties, microecology, and functional genes. *Chem. Eng. J*. 2023, vol.11, p. 109447. https://doi.org/10.1016/j.jece.2023.109447
4. Cao, L., Su, C., Wu, J., et al.Impact of perfluorooctanoic acid on treatment wastewater by a tandem AnSBR-ASBR system: Performance, microbial community and metabolism pathway. *Process Saf. Environ. Prot*. 2022, vol. 164, https://doi.org/10.1016/j.psep.2022.06.013
5. Chen, Z., Xu, J., Hu, D., et al. Performance and kinetic model of degradation on treating pharmaceutical solvent wastewater at psychrophilic condition by a pilot-scale anaerobic membrane bioreactor. *Bioresour. Technol*. 2018, vol. 269, p. 319-328. https://doi.org/10.1016/j.biortech.2018.08.075

6. Chi, B., Zou, J., Pan, H., et al. Elucidation of the complete degradation mechanism of N,N-dimethylformamide (DMF) and substrate preference within a synthetic bacterial consortium (DMFsyn) formed via a “top-down” strategy. *Chem. Eng. J.* 2024, vol. 479, p. 147658. https://doi.org/10.1016/j.cej.2023.147658

7. Deng, Q.,Dai, L.,Wu, L., Li, S., Tian, C. Treatment and resource recovery of N,N-Dimethylformamide waste liquids: A review of processes and prospects. *Results in Engineering*. 2026, vol. 30, p. 109998. https://doi.org/10.1016/j.rineng.2026.109998.

8. Dziewit, L., Dmowski, M., Baj, J., Bartosik, D. Plasmid pAMI2 of Paracoccus aminophilus JCM 7686 carries N,N-dimethylformamide degradation-related genes whose expression is activated by a LuxR family regulator. *Appl. Environ. Microbiol*. 2010. vol. 76, no 6, p. 1861-1869. https://doi.org/10.1128/aem.01926-09

9. Gruffaz, C., Muller, E. E. L., Louhichi-Jelail, Y., et al. Genes of the N-methylglutamate pathway are essential for growth of Methylobacterium extorquens DM4 with monomethylamine. *J. Bacteriol*.. 2014, vol. 196, no. 17, p. 3074–3083. https://journals.asm.org/doi/full/10.1128/aem.04160-13

10. Kennedy, G. L. Toxicology of dimethyl and monomethyl derivatives of acetamide and formamide: A second update. *Crit. Rev. Toxicol*. 2012. vol. 42, no. 10, p. 793–826. https://doi.org/10.3109/10408444.2012.725028

11. Kong, Z., Li, L., Kato, H., et al.. Dissection and characterization of the prokaryotic community during the long-term operation of a submerged anaerobic membrane bioreactor for the anaerobic treatment of N, N-dimethylformamide-containing wastewater with a co-cultured inoculum. *Bioresour. Technol*. 2019, vol. 28, P. 482-493. https://doi.org/10.1016/j.biortech.2019.03.016

12. Kong, Z., Li, L., Kurihara, R., Kubota, K., & Li, Y.-Y. Anaerobic treatment of N,N-dimethylformamide-containing wastewater by co-culturing two sources of inoculum. *Water Research*. 2018, vol. 139, p. 228–239. https://doi.org/10.1016/j.watres.2018.03.078

13. Kong Z., Li L., Kurihara R., Zhang T., Li Y.Y. Anaerobic treatment of N,N-dimethylformamide-containing high-strength wastewater by submerged anaerobic membrane bioreactor with a co-cultured inoculum. *The Total Env*. 2019, vol. 663. p. 696-708. https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2019.01.358

14. Kong, Z., Li, L., Li, Y.Y. Long-term performance of UASB in treating N, N-dimethylformamide-containing wastewater with a rapid start-up by inoculating mixed sludge. *Sci. Total Environ*.2019, vol. 648, p. 1141-1150. https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2018.08.161

15. Kong, Z., Li, L., Wang, T.,et al. Insights into the methanogenic degradation of N, N-dimethylformamide: The functional microorganisms and their ecological relationships. *Bioresour. Technol*. 2018, vol. 271., p. 37-47. https://doi.org/10.1016/j.biortech.2018.09.074

16. Kong, Z., Li, L., Wang, T., et al. New insights into the cultivation of N, N-dimethylformamide-degrading methanogenic consortium: A long-term investigation on the variation of prokaryotic community inoculated with activated sludge. *Environ. Res*. 2020, vol. 182, p. 109060. https://doi.org/10.1016/j.envres.2019.109060

17. Kong, Z., Xue, Y., Hao, T., et al. Carbon-neutral treatment of N, N-dimethylformamide-containing industrial wastewater by anaerobic membrane bioreactor (AnMBR): Bio-energy recovery and CO2 emission reduction. *J. Cleaner Production*. 2022. vol. 380, no 1, p. 134880. https://doi.org/10.1016/j.jclepro.2022.134880

18. Kong, Z., Zhang, T., Xu, Y., et al. Successful establishment of denitrification-enhanced anaerobic digestion with nitrate as an exogenous stimulant for effective hydrolysis and methanogenesis of N, N-dimethylformamide-containing wastewater. *Water Res*. 2026. vol. 1. p. 125570. https://doi.org/10.1016/j.watres.2026.125570

19. Kumar, S., Kumar, M., Siddavattam, D., Karegoudar, T. Generation of continuous packed bed reactor with PVA–alginate blend immobilized Ochrobactrum sp. DGVK1 cells for effective removal of N,N-dimethylformamide from industrial effluents. *J. Hazard. Mater*. 2012. vol. 199-200. p. 58-63. https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2011.10.053

20. Lamprea Pineda P.A., Demeestere K., Toledo M.,et al. Long-term biofiltration of gaseous N,N-dimethylformamide: Operational performance and microbial diversity analysis at different conditions. *J. Hazard Mater*. 2023. vol. 5 no. 447. 130767. https://doi: 10.1016/j.jhazmat.2023.130767.

21. Li, J., Dijkstra, P., Lu, Q., Wang, S., & Chen, S. Genomics-informed insights into microbial degradation of N,N-dimethylformamide. *Int. Biodeter.Biodegrad*. 2021. vol. 163. p.105283 https://doi.org/10.1016/j.ibiod.2021.105283

22. Li, L., Kong, Z., Xue, Y., et al. A comparative long-term operation using up-flow anaerobic sludge blanket (UASB) and anaerobic membrane bioreactor (AnMBR) for the upgrading of anaerobic treatment of N, N-dimethylformamide-containing wastewater. *Sci. Total Environ*. 2020. vol. 699. p. 134370. https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2019.134370

23. Li, M.-J., Zeng, T. The deleterious effects of N,N-dimethylformamide on liver: A mini-review. *Chem. Biol. Interact*. 2019. vol. 298. p. 129–136. https://doi.org/10.1016/j.cbi.2018.12.011

24. Lu, X., Wang, W., Zhang, L., et al. Molecular Mechanism of N,N-Dimethylformamide Degradation in Methylobacterium sp. Strain DM1. *Appl. Environ. Microbiol*.. 2019. vol. 85. no. 12. https://doi.org/10.1128/AEM.00275-19

25. Nisha, K.N., Devi, V., Varalakshmi, P., Ashokkumar, B. Biodegradation and utilization of dimethylformamide by biofilm forming Paracoccus sp. strains MKU1 and MKU2. *Biores. Technol*. 2015. vol. 188. no. 6. p. 9-13. https://doi.org/10.1016/j.biortech.2015.02.042

26. Sherwood J., Albericio F., G. de laTorre B. N,N-Dimethyl Formamide European Restriction Demands Solvent Substitution in Research and Development .*ChemSusChem*. 2024. vol. 17. no. 8. e202301639 https://doi.org/10.1002/cssc.202301639

27. Subashchandrabose, S. R., Venkateswarlu, K., Naidu, R., Megharaj, M. Mesorhizobium tamadayense MM3441: A novel methylotroph with a great potential in degrading N,N'-dimethylformamide. *Int. Biodeter. Biodegrad*. 2018. vol. 29. no. 5. p. 473–484. https://doi.org/10.1016/j.ibiod.2020.105045

28. Swaroop, S., Sughosh, P., Ramanathan, G. Biomineralization of N,N-dimethylformamide by Paracoccus sp. strain DMF.*J. Hazard. Mater*.. 2009. vol. 171. p. 1–3. https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2009.05.138

29. Veeranagouda, Y., Emmanuel Paul, P.V., Gorla, P., Siddavattam, D., Karegoudar, T.B. Complete mineralisation of dimethylformamide by Ochrobactrum sp. DGVK1 isolated from the soil samples collected from the coalmine leftovers. *Appl. Microbiol. Biotechnol*. 2006. vol. 71. no. 3. p. 369-375. https://doi.org/10.1007/s00253-005-0157-9

30. Vidhya, R., Thatheyus, J. Biodegradation of Dimethylformamide Using Bacillus Subtilis. *Am. J. Microbiol. Res*.. 2013. vol. 1. p. 10-15. https://doi.10.12691/ajmr-1-1-3.

31. Wang, J., Liu, X., Jiang, X., et al. Facilitated bio-mineralization of N,N-dimethylformamide in anoxic denitrification system: Long-term performance and biological mechanism. *Water Research*. 2020. vol. 186. p. 116306. https://doi.org/10.1016/j.watres.2020.116306

32. Wang, J., Weng, R., Zhu, Y., et al. Toxicity of dimethylformamide at different developmental stages of Biomphalaria glabrata: Lethal concentration determination and longitudinal assessment of physiological changes. *Ecotoxicol. Environ. Saf.* 2025. vol. 304. p. 119131. https://doi.org/10.1016/j.ecoenv.2025.119131

33. Wang, Y., Cao, L., Lu, Y., et al. Impact analysis of hydraulic residence time and dissolved oxygen on performance efficiency and microbial community in N, N-dimethylformamide wastewater treated by an AnSBR-ASBR. *Env. Pollution*. 2024. vol. 344. p. 123326. https://doi.org/10.1016/j.envpol.2024.123326

34. Xian, Y., Cao, L., Lu, Y., et al. Metagenomics and metaproteomics reveal the effects of sludge types and inoculation modes on N,N-dimethylformamide degradation pathways and the microbial community involved. *J. Hazard. Mater.* 2025. vol. 481. p. 136548. https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2024.136548

35. Xiao, J., Chu, S., Tian, G., Thring, R., Cui, L. An Eco-tank system containing microbes and different aquatic plant species for the bioremediation of N,N-dimethylformamide polluted river waters. *J. Environ. Manag*. 2016. vol. 320. p. 564-570. https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2016.07.037

36. Xiao, J., Qaisar, M., Zhu, X., et al. Conductive materials enhance anaerobic membrane bioreactor (AnMBR) treating waste leachate at high organic loading rates. *J. Environ. Manag*. 2025 vol. 375. 124277. https://doi.org/10.1016/j.jenvman.2025.124277

37. Xiu, F., Zhou, H., Qi, Y. Treatment of brominated epoxy resin waste in subcritical dimethylformamide wastewater: Upcycling of brominated epoxy resin and dimethylformamide degradation. *J. Env. Chem Eng*. 2024. vol. 12. no. 114025. https://doi.org/10.1016/j.jece.2024.1140259.

38. Yang, Z., Jiang, L., Li, J., Zhang, L. Resistance-resilience driven succession of microbial communities under N, N-dimethylformamide stress in anaerobic digestion. *Bioresour. Technol*. 2026. vol. 444. P. 133894. https://doi.org/10.1016/j.biortech.2025.133894

39. Zhang, Y., Wang, X., Liu, Y., Chen, Z., Li, J., Zhang, T. Efficient removal of emerging contaminants from water using advanced oxidation processes: *A Review. Chem. Eng*. J. 2023. vol. 475. P. 148179. https://doi.org/10.1016/j.cej.2023.148179

40. Zheng, G., Su, Y., Zhang, W., et al. Characterization and genome sequence of N,N-dimethylformamide degradation in Paracoccus sulfuroxidans DM175A1-1 isolated from activated sludge of wastewater. *Front Microbiol*. 2024. vol. 15. p. 1419461. https://doi:10.3389/fmicb.2024.1419461 .

41. Zheng, Y., Chen, D., Li, N., et al. Efficient simultaneous adsorption-biodegradation of high-concentrated N,N-dimethylformamide from water by Paracoccus denitrificans-graphene oxide microcomposites. *Scientific Reports*. 2016. vol. 6. p. 20003. https://doi.org/10.1038/srep20003

42. Zhou, X., Jin, W., Sun, C., et al. Microbial degradation of N,N-dimethylformamide by Paracoccus sp. strain DMF-3 from activated sludge. *Chem. Eng. J*. 2018. vol. 343. p. 324-330. https://doi.org/10.1016/j.cej.2018.03.023

СВЕДЕНИЯ ОБ АВТОРАХ

Загустина Наталия Алексеевна — кандидат биологических наук, старший научный сотрудник, Федеральный исследовательский центр «Фундаментальные основы биотехнологии» Российской академии наук, Москва, Российская Федерация
E-mail: zagustn@mail.ru
https://orcid.org/0000-0002-4131-2209

Миронов Владимир Витальевич — доктор технических наук, профессор, ведущий научный сотрудник, Федеральный исследовательский центр «Фундаментальные основы биотехнологии» Российской академии наук, Москва, Российская Федерация
E-mail: 7390530@gmail.com
https://orcid.org/0000-0002-9113-7461

Гречищева Наталья Юрьевна – доктор химических наук, профессор кафедры промышленной экологии РГУ нефти и газа (НИУ) имени И.М. Губкина, Москва, Российская Федерация
E-mail: grechischeva.n@gubkin.ru
https://orcid.org/0000-0001-8860-9133

Клименко Жанна Артемовна – младший научный сотрудник, Федеральный исследовательский центр «Фундаментальные основы биотехнологии» Российской академии наук, Москва, Российская Федерация
E-mail: zhanna.a.klimenko@gmail.com

Ефремова Кристина Валерьевна — младший научный сотрудник, Федеральный исследовательский центр «Фундаментальные основы биотехнологии» Российской академии наук, Москва, Российская Федерация
E-mail: kristina.efremova.1221@mail.ru

Поступила в редакцию 04.05.2026
После доработки 15.05.2026
Принята к публикации 26.05.2026

AUTHOR INFORMATION

Zagustina, Natalya A. — PhD in Biology, Senior Researcher, The Federal Research Centre “Fundamentals of Biotechnology” of the Russian Academy of Sciences (Research Center of Biotechnology RAS), Moscow, Russian Federation
E-mail: zagustn@mail.ru
https://orcid.org/0000-0002-4131-2209

Mironov, Vladimir V. — Dr. Sci. in Technical, Professor, Leading Researcher, The Federal Research Centre “Fundamentals of Biotechnology” of the Russian Academy of Sciences (Research Center of Biotechnology RAS), Moscow, Russian Federation
E-mail: 7390530@gmail.com
https://orcid.org/0000-0002-9113-7461

Grechishcheva, Natalya Yu. — Dr. Sci. in Chemistry, Associate Professor, Professor at the Department of Industrial Ecology at the Gubkin University, Moscow, Russian Federation
E-mail: grechischeva.n@gubkin.ru
https://orcid.org/0000-0001-8860-9133

Klimenko, Zhanna A. — junior researcher, The Federal Research Centre “Fundamentals of Biotechnology” of the Russian Academy of Sciences, (Research Center of Biotechnology RAS), Moscow, Russian Federation
E-mail: zhanna.a.klimenko@gmail.com

Efremova, Kristina V. — junior researcher, The Federal Research Centre “Fundamentals of Biotechnology” of the Russian Academy of Sciences, (Research Center of Biotechnology RAS), Moscow, Russian Federation
E-mail: kristina.efremova.1221@mail.ru

Received May 04, 2026
Revised May 15, 2026
Accepted May 26, 2026