



БИОЛОГИЧЕСКИЕ И МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЕ СВОЙСТВА *TRICHOPHYTON BENHAMIAE* – НОВОГО ВОЗБУДИТЕЛЯ ДЕРМАТОМИКОЗОВ КОШЕК

Смагулова А.М.¹, Кухар Е.В.^{1,2}, ✉ Глотова Т.И.², Глотов А.Г.²

¹Казахский агротехнический университет им. С. Сейфуллина
Астана, Республика Казахстан

²Сибирский федеральный научный центр агrobiотехнологий Российской академии наук
Новосибирская область, р.п. Краснообск, Россия
✉ e-mail: t-glotova@mail.ru

Представлены результаты выделения двух штаммов OVB_T.b-19 и OVB_T.b-20 нового вида микроскопического гриба *Trichophyton benhamiae* из проб биологического материала от кошек с клиническими признаками дерматомикоза. Данный вид гриба впервые изолирован от домашних кошек на территории России. Молекулярно-генетические исследования, видовая идентификация и определение свойств выделенных культур проведены с помощью утвержденных методических рекомендаций и определителей патогенных и условно-патогенных грибов. Изучены кератинолитическая и биохимическая активность, культурально-морфологические (фенотипические) и молекулярно-генетические свойства *T. benhamiae*. Оба штамма гриба характеризовались разнообразием фенотипических свойств: формировали на питательных средах колонии, отличающиеся по морфологии и окраске воздушного и субстратного мицелия. У них выявлено сходство микроморфологии: наличие септированного бамбукообразного мицелия с характерным ветвлением двухслойных макроконидий и микроконидий. Изученные штаммы характеризовались схожими биохимическими свойствами (выраженная сахаролитическая и уреазная активность) и кератинолитической активностью. Выявленная кератинолитическая активность у штаммов *T. benhamiae* свидетельствует об их этиологической роли в развитии дерматомикозов у домашних кошек. Фенотипические характеристики полностью соответствовали культуре микроскопического гриба *T. benhamiae*. В результате молекулярно-генетических исследований выявлено, что выделенные от кошек микроскопические грибы принадлежали роду *Trichophyton*, виду *Benhamiae*. Молекулярно-генетические исследования установили идентичность последовательностей полученных нами штаммов OVB_T.b-19 и OVB_T.b-20. Оба штамма внесены в базу данных GenBank с присвоением индивидуальных номеров в международной базе данных NCBI – ON479483 и ON479484.

Ключевые слова: дерматомицеты, *Trichophyton*, фенотипические свойства, штаммы, мицелий, макроконидии, микроконидии

BIOLOGICAL AND MOLECULAR GENETIC PROPERTIES OF *TRICHOPHYTON BENHAMIAE*, A NEW PATHOGEN OF DERMATOMYCOSES IN CATS

Smagulova A.M.¹, Kukhar E.V.^{1,2}, ✉ Glotova T.I.², Glotov A.G.²

¹S. Seifullin Kazakh Agrotechnical University
Astana, Republic of Kazakhstan

²Siberian Federal Scientific Centre of Agro-BioTechnologies of the Russian Academy of Sciences
Krasnoobsk, Novosibirsk region, Russia
✉ e-mail: t-glotova@mail.ru

The results of isolation of two strains OVB_T. b-19 and OVB_T. b-20 of a new microscopic fungus species *Trichophyton benhamiae* from the samples of biological material from cats with clinical signs of dermatomycosis are presented.

This type of fungus was isolated from domestic cats for the first time in Russia. Molecular genetic studies, species identification and determination of the properties of the isolated cultures were carried out using approved methodological recommendations and determinants of pathogenic and opportunistic fungi. The keratinolytic and biochemical activity, cultural-morphological (phenotypic) and molecular-genetic properties of *T. benhamiae* were studied. Both strains of the fungus were characterized by a variety of phenotypic properties: they formed colonies on the nutrient media that differed in morphology and color of aerial and substrate mycelium. They revealed the similarity of micromorphology: the presence of a septate bamboo-like mycelium with characteristic branching of two-layer macroconidia and microconidia. The studied strains were characterized by similar biochemical properties (pronounced saccharolytic and urease activities) and keratinolytic activity. The identified keratinolytic activity of the *T. benhamiae* strains indicates their etiological role in the development of dermatomycoses in domestic cats. The phenotypic characteristics fully corresponded to the culture of the microscopic fungus *T. benhamiae*. Molecular genetic studies revealed that microscopic fungi isolated from cats belonged to the genus *Trichophyton*, species *Benhamiae*. Molecular genetic studies established that the sequences of OVB_T. b-19 and OVB_T. b-20 strains that had been obtained were identical. Both strains are listed in the GenBank database with individual numbers in the international NCBI database, ON479483 and ON479484.

Keywords: dermatomycetes, *Trichophyton*, phenotypic properties, strains, mycelium, macroconidia, microconidia

Для цитирования: Смагулова А.М., Кухар Е.В., Глотова Т.И., Глотов А.Г. Биологические и молекулярно-генетические свойства *Trichophyton benhamiae* – нового возбудителя дерматомикозов кошек // Сибирский вестник сельскохозяйственной науки. 2023. Т. 53. № 1. С. 53–61. <https://doi.org/10.26898/0370-8799-2023-1-7>

For citation: Smagulova A.M., Kukhar E.V., Glotova T.I., Glotov A.G. Biological and molecular genetic properties of *Trichophyton benhamiae*, a new pathogen of dermatomycoses in cats. *Sibirskii vestnik sel'skokhozyaistvennoi nauki = Siberian Herald of Agricultural Science*, 2023, vol. 53, no. 1, pp. 53–61. <https://doi.org/10.26898/0370-8799-2023-1-7>

Конфликт интересов

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Conflict of interest

The authors declare no conflict of interest.

ВВЕДЕНИЕ

Trichophyton benhamiae – новый вид микроскопического гриба, способный вызывать поражение кожи и ее производных у человека и разных видов домашних и диких животных [1]. За последние 15 лет распространенность зоонозных инфекционных заболеваний у животных, вызванных *T. benhamiae*, во всем мире непрерывно увеличивается [2]. Описаны случаи выделения *T. benhamiae* от человека и животных в Чехии, Польше, Германии, Италии, Финляндии, Швейцарии, Иране, Египте, Тайване, Японии, США, России [3, 4].

Чаще всего *T. benhamiae* изолировали из проб биологического материала от человека [5]. В случаях изоляции его от животных основными хозяевами патогенных штаммов были морские свинки, лисы [1], кролики [6] и собаки [7]. Описаны случаи изоляции гриба от домашних и бродячих кошек. Боль-

шая часть случаев выделения возбудителя *T. benhamiae* от кошек описана на примере бродячих животных. Авторами выдвигается предположение о том, что источником их заражения являлись дикие грызуны [8, 9].

Многие исследователи *T. benhamiae* ошибочно диагностировали его как *Microsporium canis* [10, 11] или *T. mentagrophytes* var. *porcellae* [2] из-за обнаружения схожих фенотипических признаков или сходства микроморфологии [10].

Учитывая морфологические особенности колоний, для штаммов *T. benhamiae* описано два фенотипа: желтый и белый [3, 12–15]. Желтый фенотип является наиболее часто встречаемым. Этот фенотип формирует плоские колонии с воздушным мицелием от бежевого до желтого цвета бархатистого вида с субстратным мицелием от ярко-желтого, охристого до коричневого или красноватого цвета. Для белого фенотипа колоний харак-

терен порошкообразный, зернистый, лучистый и плоский воздушный мицелий, иногда слегка желтоватый по краям. Этот фенотип характеризуется быстрой скоростью роста, формированием многочисленных микроконидий сферической и булавовидной форм, единичных макроконидий булавовидной и сигароподобной форм [10, 13, 16]. Данный фенотип *T. benhamiae* морфологически очень похож на *T. mentagrophytes*, что вполне могло вызвать ошибки в его идентификации и установлении роли в развитии дерматомикозов.

Штаммы с белым фенотипом, описанные некоторыми авторами, составляют примерно 20% случаев, и их можно спутать с комплексом *T. mentagrophytes* (*T. mentagrophytes*, *T. interdigitale*) [10, 13].

В качестве возбудителя дерматомикозов у кошек на территории Российской Федерации *T. benhamiae* ранее не регистрировали.

Цель работы – изучить биологические и молекулярно-генетические свойства у двух штаммов *T. benhamiae*, впервые выделенных в России из проб биоматериала от кошек с клиническими признаками дерматомикозов.

МАТЕРИАЛ И МЕТОДЫ

Исследования проведены в 2021, 2022 гг. в лаборатории биотехнологии – диагностического центра Института экспериментальной ветеринарии Сибири и Дальнего Востока СФНЦА РАН и в лаборатории коллективного пользования Научно-исследовательской платформы сельскохозяйственной биотехнологии.

Поверхностное культивирование и выделение монокультур грибов и изучение их фенотипических свойств осуществляли в чашках Петри и блоках по Кадену с питательными средами Сабуро, Чапека, медовым, кукурузным и картофельным агаром при температуре 28 °С. Для детальной характеристики культур *T. benhamiae* и изучения биохимических свойств осуществляли их поверхностное культивирование на средах Гисса с мальтозой, маннитом, лактозой, сахарозой и глюкозой, среде Кристенсена, модифицированной питательной среде с кератином.

Микроморфологию *T. benhamiae* изучали в световом микроскопе при ×400. Для этой цели готовили агаровые блоки по Кадену через 24, 48, 72 ч и более роста. Видовую идентификацию выделенных культур проводили в соответствии с методиками, описанными в литературе [3, 17].

Аmplификацию маркерных генов внутренней транскрибированной области (internal transcribed region – ITS) ДНК проводили в конечном реакционном объеме 25 мкл, содержащем 1× Phusion HF-буфер, 2,5 мМ MgCl₂, 1U Phusion ДНК-полимеразу и 200 мкМ dNTP (New England BioLabs Inc.), 25 пмоль каждого праймера и 20 нг экстрагированной ДНК из одного образца. ПЦР осуществляли при следующих условиях термоциклирования: 95 °С в течение 30 с, 52 °С – в течение 40 с, 72 °С – в течение 50 с, окончательная элонгация – 5 мин при 72 °С. Амплифицированные продукты ДНК анализировали на горизонтальном электрофореze в 1%-м агарозном геле с использованием 1×TAE буферного раствора и EtBr. Параметры протекания электрофореze – 120 V, 250 mA, 50 W, время реакции – 30 мин.

Аmplифицированные фрагменты ДНК секвенировали с помощью метода Сэнгера с использованием набора для определения последовательности терминатора BigDye в соответствии с техническими характеристиками производителя. Для обеспечения точности секвенирования амплифицированные фрагменты секвенировали с двумя праймерами: прямым (ITS 4 TCCT-CCGC-TTAT-TGAT-ATGC) и обратным (ITS5 GGAA-GTAA-AAGT-CGTA-ACAA-GG). Продукты секвенирования изучали на генетическом анализаторе ABI 3130XL (Applied Biosystems). Анализ и редактирование хроматограммы проводили с использованием Sequencing Analysis 5.2, Patch 2 (Applied Biosystems). Для сравнительного анализа использовали последовательности штаммов *T. benhamiae* KU257463, LN874020, LC388864, AV458143, KU496914, MT261760, JN134088, AV458165, MF152781, LS444190 и OK376997, опубликованные в GenBank.

Полученные последовательности депонировали в международной базе данных GenBank.

РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ

В результате микологического исследования проб биоматериала, полученных от кошек с предварительным диагнозом «микроспория», выделены два штамма дерматомицетов. Изучение культурально-морфологических свойств показало их отличие от классических культур гриба *M. canis*. При

более детальном изучении культурально-морфологических и молекулярно-генетических свойств выделенных культур дерматомицетов идентифицирован новый, ранее не встречавшийся в России вид возбудителя дерматомикозов кошек.

Культурально-морфологическими исследованиями установлено, что они отличались разнообразием фенотипических признаков (см. рис. 1).

Штамм *T. benhamiae* OVB_T.b-19 формировал на агаре Сабуро мучнистые круглые с

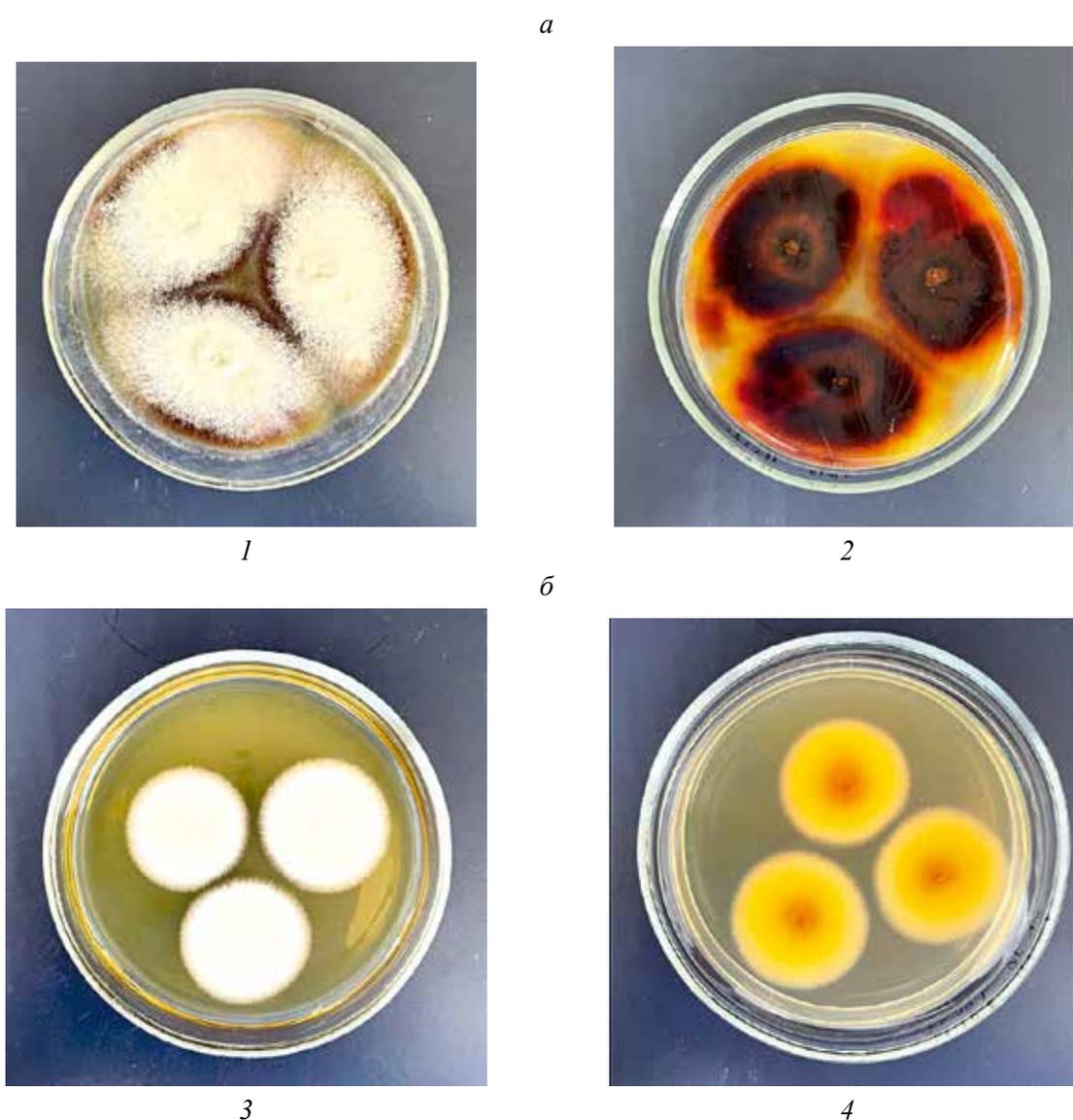


Рис. 1. Колонии штаммов *T. benhamiae*, агар Сабуро; 28 °С, 20 сут:
а – штамм *T. benhamiae* OVB_T.b-19: 1 – лицевая сторона; 2 – обратная сторона;
б – штамм *T. benhamiae* OVB_T.b-20: 3 – лицевая сторона; 4 – обратная сторона
Fig. 1. Colonies of *T. benhamiae* strains, Saburo agar; 28 °C, 20 days:
а – strain *T. benhamiae* OVB_T.b-19: 1 – front side; 2 – reverse side;
б – strain *T. benhamiae* OVB_T.b-20: 3 – front side; 4 – reverse side

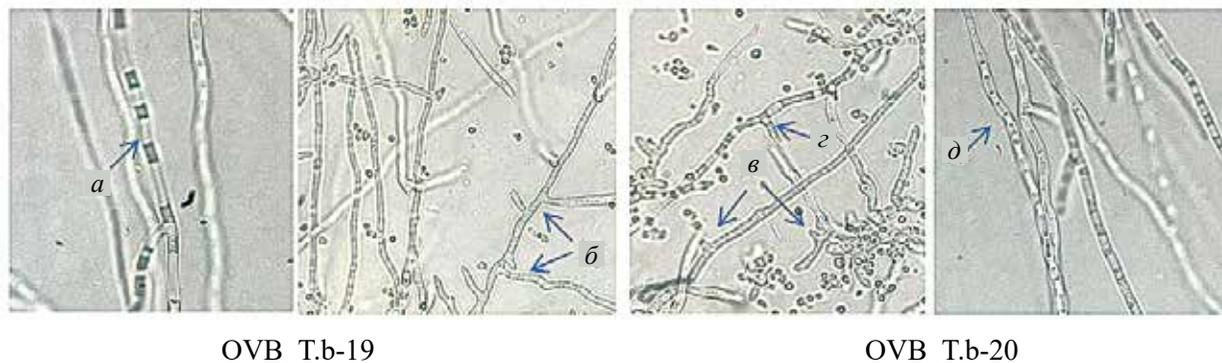


Рис. 2. Строение мицелия у штаммов *T. benhamiae*: на агаровых блоках с агаром Сабуро; 28 °С; ×400, 3 сут:

a – септированный бамбукообразный мицелий; *б* – ветвление; *в* – микроконидии;
г – макроконидии; *д* – артроспоры

Fig. 2. Mycelial structure of *T. benhamiae* strains: on agar blocks with Saburo agar; 28 °С; ×400, 3 days:
a – septated bamboo-like mycelium; *б* – branching; *в* – microconidia; *г* – macroconidia; *д* – arthrospores

кратеровидным центром колонии со стелющимся бежево-кремового цвета слегка порошистым мицелием. Обратная сторона колонии и субстратный мицелий на агаре Сабуро были окрашены в коричнево-винный цвет. По краю колонии отмечали формирование пушистого мицелия в виде тонких нитей как на поверхности, так и в глубине агара.

Штамм *T. benhamiae* OVB_T.b-20 рос в виде мучнистых, белых, местами кремовых колоний округлой формы с выраженной зональностью. Обратная сторона колоний имела оранжевый цвет. Растущий край колонии *T. benhamiae* был ровным.

Микроскопия позволила выявить у обоих штаммов гриба *T. benhamiae* наличие септированного бамбукообразного мицелия с характерным ветвлением и сходные микроструктуры: обильные микроконидии, единичные макроконидии с характерными перетяжками формирующихся артроспор (см. рис. 2).

При этом штаммы различались некоторыми морфологическими признаками: у *T. benhamiae* OVB_T.b-19 выявили септированный ветвящийся бесцветный мицелий, у *T. benhamiae* OVB_T.b-20 – бесцветный септированный бамбукообразный мицелий с выраженным ветвлением. У обоих штаммов обнаружены характерные макроконидии с двухконтурной клеточной стенкой и заметной перетяжкой и микроконидии, сидящие на гифах (см. рис. 3).

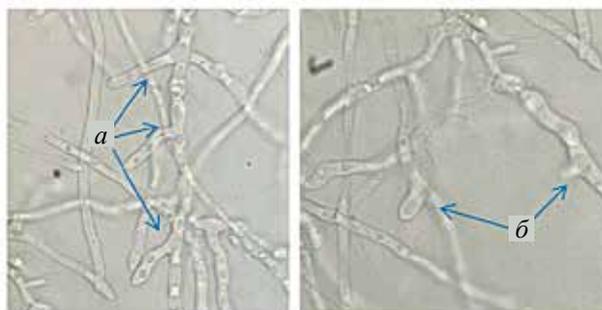


Рис. 3. Морфология макроконидий (*a*) и микроконидий (*б*) *T. benhamiae*; среда Сабуро, агаровые блоки; 28 °С, ×400, 7 сут; стрелкой указаны перетяжки

Fig. 3. Morphology of *T. benhamiae* macroconidia (*a*) and microconidia (*б*); Saburo medium, agar blocks; 28 °С, ×400, 7 days; the arrow indicates constrictions

Изучение биохимических свойств позволило выявить у тестируемых штаммов гриба *T. benhamiae* выраженную уреазную активность. Оба штамма активно сбраживали сахарозу, мальтозу, лактозу, слабо расщепляли глюкозу и практически не ферментировали маннит на средах Гисса.

Штаммы *T. benhamiae* проявили кератинолитические свойства при проведении теста на перфорацию волоса. Они выражались в обильном росте и появлении достаточно заметных «колышков» и изъеденности поверхности волоса (см. рис. 4).

Для выявления кератинолитических свойств готовили среды Сабуро с добавлением гидролизата кератина из волос челове-

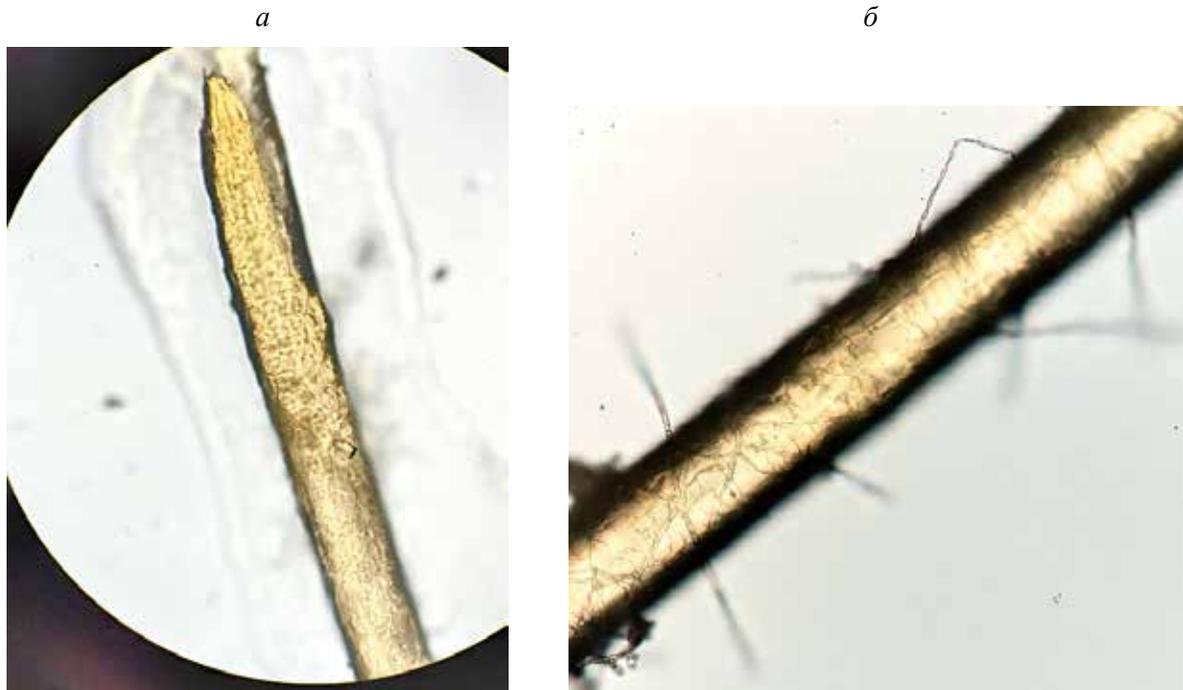


Рис. 4. Разрушение волоса под действием кератинолитических ферментов *T. benhamiae*:
a – штамм № 19; *б* – штамм № 20
Fig. 4. Hair destruction under the action of *T. benhamiae* keratinolytic enzymes:
a – strain No. 19; *б* – strain No. 20

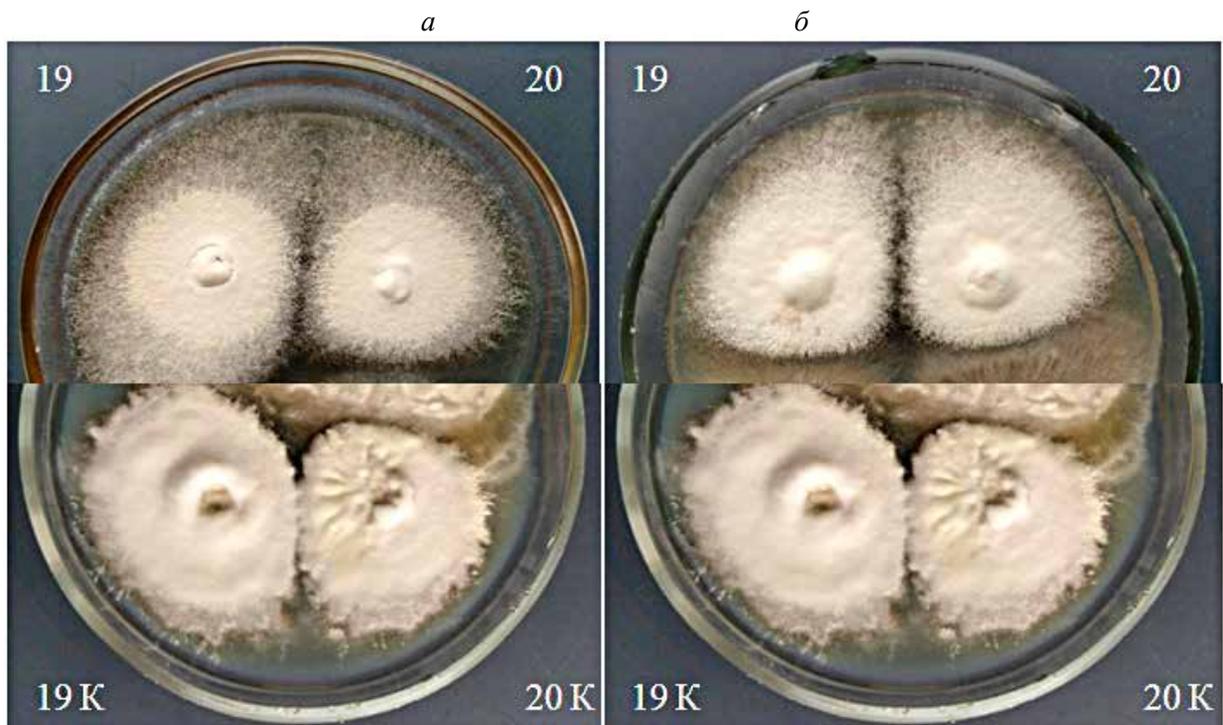


Рис. 5. Особенности роста штаммов *T. benhamiae* на модифицированной среде с добавлением кератина волос:
a – кератин из волос человека; *б* – кератин кошачьих волос
Fig. 5. Peculiarities of *T. benhamiae* strains growth on a modified medium with hair keratin addition:
a – keratin from human hair; *б* – keratin from feline hair

ка и мелко измельченной кошачьей шерсти. На средах с добавлением кератина человеческих и кошачьих волос штаммы быстрее формировали споры, чем на контрольной среде без добавления волос. Поверхность колоний на контрольной среде была более нежно структурированная, бархатистая, на среде с кератином – более зернистая, плотная (см. рис. 5).

Также во время роста и формирования колоний отмечали более выраженную зону прозрачности вокруг каждого штамма, что проявлялось более интенсивным цветным фоном. Считаем, что данный феномен связан с истончением и разрушением волоса под влиянием кератинолитических ферментов.

Генотипирование подтвердило у выделенных двух штаммов культур грибов совпадение в 98–99% по 649 нуклеотидным последовательностям с опубликованными в GenBank последовательностями штаммов KU257463, LN874020, LC388864, AB458143, KU496914, MT261760, JN134088, AB458165, MF152781, LS444190 и ОК376997 гриба *T. benhamiae*.

Оба штамма систематизированы и депонированы в международной базе данных NCBI. Им присвоен инвентарный номер *T. benhamiae* OVB_T.b-19 (ON479483) и *T. benhamiae* OVB_T.b-20 (ON479484).

ВЫВОДЫ

1. При изучении культурально-морфологических свойств у двух культур гриба, выделенных от домашних кошек, установлены их отличия от основного возбудителя дерматомикозов у кошек *M. canis*. В результате молекулярно-генетических исследований выявлено, что выделенные от кошек микроскопические грибы принадлежали роду *Trichophyton*, виду *Benhamiae*. Нуклеотидные последовательности штаммов *T. benhamiae* OVB_T.b-19, OVB_T.b-20 депонированы в GenBank под номерами ON479483 – ON479484.

2. Штаммы *T. benhamiae* имеют характерные культуральные и морфологические признаки, широко описанные в научной литературе [3, 14]. Также штаммы отличались высокой сахаролитической активностью и способностью расщеплять мочевины. Оба штамма активно сбразивали сахарозу, маль-

тозу, лактозу, слабо расщепляли глюкозу и практически не ферментировали маннит на средах Гисса.

3. Выявленная кератинолитическая активность у штаммов *T. benhamiae* свидетельствует об их этиологической роли в развитии дерматомикозов у домашних кошек.

4. Изучение фенотипических и молекулярно-генетических свойств выделенных культур микроскопических грибов позволило идентифицировать два штамма *T. benhamiae* – нового возбудителя дерматомикозов у кошек на территории России.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Tan J., Liu X., Gao Z., Yang H., Yang L., Wen H. A case of Tinea Faciei caused by *Trichophyton benhamiae*: first report in China // BMC Infectious Diseases. 2020. Vol. 20. P. 171. DOI: 10.1186/s12879-020-4897-z.
2. Sabou M., Denis J., Boulanger N., Forouzanfar F., Glatz I., Lipsker D., Poirier P., Candolfi E., Letscher-Bru V. Molecular identification of *Trichophyton benhamiae* in Strasbourg, France: a 9-year retrospective study // Medical Mycology. 2018. Vol. 56. P. 723–773. DOI: 10.1093/mmy/myx100.
3. Čmoková A., Kolařík M., Dobiáš R., Lois L., Hoyer L., Janoušková H., Kano R. Resolving the taxonomy of emerging zoonotic pathogens in the *Trichophyton benhamiae* complex // Fungal Diversity. 2020. Vol. 104. P. 333–387. DOI: 10.1007/s13225-020-00465-3.
4. Савинов В.А., Овчинников Р.С., Южаков А.Г., Хабарова А.В., Гайнуллина А.Г. Новые виды возбудителей в этиологии дерматофитозов животных-компаньонов в Московском регионе // Ветеринария, зоотехния и биотехнология. 2021. № 9. С. 15–25.
5. Nenoff P., Schulze I., Uhrlass S., Krüger C. Kerion caused by the zoophilic dermatophyte *Trichophyton* species of *Arthroderma benhamiae* in a child: a new emerging pathogen of dermatomycoses in Germany // Hautarzt Z Dermatol Verwandte Geb. 2013. Vol. 64. P. 846–849.
6. Nakamura Y., Kano R., Nakamura E., Saito K., Watanabe S., Hasegawa A. Case report. First report on human ringworm caused by *Arthroderma benhamiae* in Japan transmitted from a rabbit // Mycoses. 2002. Vol. 45. P. 129–131. DOI: 10.1046/j.1439-0507.2002.00732.x.
7. Sieklucki U., Oh S-H., Hoyer L.L. Frequent isolation of *Arthroderma benhamiae* from dogs

- with dermatophytosis // *Veterinary Dermatology*. 2014. Vol. 25. P. 39–e14. DOI: 10.1111/vde.12095.
8. De Freitas R.S., de Freitas T.H.P., Siqueira L.P.M., Gimenes V.M.F., Benard G. First report of tinea corporis caused by *Arthroderma benhamiae* in Brazil // *Brazilian Journal of Microbiology*. 2019. Vol. 50. P. 985–987. DOI: 10.1007/s42770-019-00141-y.
 9. Drouot S., Mignon B., Fratti M., Roosje P., Monod M. Pets as the main source of two zoonotic species of the *Trichophyton mentagrophytes* complex in Switzerland, *Arthroderma vanbreuseghemii* and *Arthroderma benhamiae* // *Veterinary Dermatology*. 2009. Vol. 20. P. 13–18. DOI: 10.1111/j.1365-3164.2008.00691.x.
 10. Nenoff P., Uhrlaß S., Krüger C., Erhard M., Hippler U.C., Seyfarth F. *Trichophyton* species of *Arthroderma benhamiae* – a new infectious agent in dermatology // *Journal der Deutschen Dermatologischen Gesellschaft*. 2014. Vol. 12 (7). P. 558–571. DOI: 10.1111/ddg.12390.
 11. Maysen P., Budihardja D. A simple and rapid method to differentiate *Arthroderma benhamiae* from *Microsporum canis* // *Journal der Deutschen Dermatologischen Gesellschaft*. 2013. Vol. 11. P. 322–327. DOI: 10.1111/j.1610-0387.2012.08057.x.
 12. Baert F., Lefevere P., D'hooge E., Stubbe D., Packeu A. A Polyphasic Approach to Classification and Identification of Species within the *Trichophyton benhamiae* Complex // *Journal Fungi (Basel)*. 2021. Vol. 7. P. 602. DOI: 10.3390/jof7080602.
 13. Bartosch T., Frank A., Günther C., Uhrlaß S., Heydel T., Nenoff P., Baums C.B., Schrödl W. *Trichophyton benhamiae* and *T. mentagrophytes* target guinea pigs in a mixed small animal stock // *Medical Mycology Case Reports*. 2018. Vol. 23. P. 37–42. DOI: 10.1016/j.mmcr.2018.11.005.
 14. Peano A., Hubka V., Cavana P., Ottino C., Blandolino M., Molinar Min A.R., Pasquetti M. Cases of dermatophytosis caused by *Trichophyton benhamiae* var. *luteum* and *T. europaeum*, newly described dermatophytes within the *T. benhamiae* complex // *Veterinary Dermatology*. 2022. Vol. 33. P. 440–445. DOI: 10.1111/vde.13082.
 15. Kimura U., Yokoyama K., Hiruma M., Kano R., Takamori K., Suga Y. *Tinea faciei* caused by *Trichophyton mentagrophytes* (molecular type *Arthroderma benhamiae*) mimics impetigo: a case report and literature review of cases in Japan // *Medical Mycology*. 2015. Vol. 56. P. 1–5. DOI: 10.3314/mmj.56.E1.
 16. Needle D.B., Gibson R., Hollingshead N., Sidor I.F., Marra N.J., Rothenheber D., Thachil A.J. Atypical Dermatophytosis in 12 North American Porcupines (*Erethizon dorsatum*) from the Northeastern United States 2010–2017 // *Pathogens*. 2019. Vol. 8. P. 171. DOI: 10.3390/pathogens8040171.
 17. Самтон Д., Фотергилл А., Ринальди М. Определитель патогенных и условно патогенных грибов: пер. с англ. М.: Мир, 2001. 486 с.

REFERENCES

1. Tan J., Liu X., Gao Z., Yang H., Yang L., Wen H. A case of *Tinea faciei* caused by *Trichophyton benhamiae*: first report in China. *BMC Infectious Diseases*, 2020, vol. 20, pp. 171. DOI: 10.1186/s12879-020-4897-z.
2. Sabou M., Denis J., Boulanger N., Forouzanfar F., Glatz I., Lipsker D., Poirier P., Candolfi E., Letscher-Bru V. Molecular identification of *Trichophyton benhamiae* in Strasbourg, France: a 9-year retrospective study. *Medical Mycology*, 2018, vol. 56, pp. 723–773. DOI: 10.1093/mmy/myx100.
3. Čmoková A., Kolařík M., Dobiáš R., Lois L., Hoyer L., Janoušková H., Kano R. Resolving the taxonomy of emerging zoonotic pathogens in the *Trichophyton benhamiae* complex // *Fungal Diversity*, 2020, vol. 104, pp. 333–387. DOI: 10.1007/s13225-020-00465-3.
4. Savinov V.A., Ovchinnikov R.S., Yuzhakov A.G., Habarova A.V., Gajnullina A.G. New pathogenic species in etiology of dermatophytosis in companion animals in the Moscow region. *Veterinariya, zootekhnika i biotekhnologiya = Veterinary Medicine, Zootechnics and Biotechnology*, 2021, no. 9, pp. 15–25. (In Russian). DOI: 10.36871/vet.zoo.bio.202109002.
5. Nenoff P., Schulze I., Uhrlaß S., Krüger C. Kerion caused by the zoophilic dermatophyte *Trichophyton* species of *Arthroderma benhamiae* in a child: a new emerging pathogen of dermatomycoses in Germany. *Hautarzt Z Dermatol Venerol Verwandte Geb*, 2013, vol. 64, pp. 846–849.
6. Nakamura Y., Kano R., Nakamura E., Saito K., Watanabe S., Hasegawa A. Case report. First report on human ringworm caused by *Arthroderma benhamiae* in Japan transmitted from a rabbit // *Mycoses*, 2002, vol. 45, pp. 129–131. DOI: 10.1046/j.1439-0507.2002.00732.x.

7. Sieklucki U., Oh S-H., Hoyer L.L. Frequent isolation of *Arthroderma benhamiae* from dogs with dermatophytosis. *Veterinary Dermatology*, 2014, vol. 25, pp. 39–e14. DOI: 10.1111/vde.12095.
8. De Freitas R.S., de Freitas T.H.P., Siqueira L.P.M., Gimenes V.M.F., Benard G. First report of tinea corporis caused by *Arthroderma benhamiae* in Brazil. *Brazilian Journal of Microbiology*, 2019, vol. 50, pp. 985–987. DOI: 10.1007/s42770-019-00141-y.
9. Drouot S., Mignon B., Fratti M., Roosje P., Monod M. Pets as the main source of two zoonotic species of the *Trichophyton mentagrophytes* complex in Switzerland, *Arthroderma vanbreuseghemii* and *Arthroderma benhamiae*. *Veterinary Dermatology*, 2009, vol. 20, pp. 13–18. DOI: 10.1111/j.1365-3164.2008.00691.x.
10. Nenoff P., Uhrlaß S., Krüger C., Erhard M., Hippler U.C., Seyfarth F. *Trichophyton* species of *Arthroderma benhamiae* – a new infectious agent in dermatology. *Journal der Deutschen Dermatologischen Gesellschaft*, 2014, vol. 12 (7), pp. 558–571. DOI: 10.1111/ddg.12390.
11. Maysers P., Budihardja D. A simple and rapid method to differentiate *Arthroderma benhamiae* from *Microsporum canis*. *Journal der Deutschen Dermatologischen Gesellschaft*, 2013, vol. 11, pp. 322–327. DOI: 10.1111/j.1610-0387.2012.08057.x.
12. Baert F., Lefevre P., D'hooge E., Stubbe D., Packeu A. A Polyphasic Approach to Classification and Identification of Species within the *Trichophyton benhamiae* Complex. *Journal of Fungi (Basel)*, 2021, vol. 7, p. 602. DOI: 10.3390/jof7080602.
13. Bartosch T., Frank A., Günther C., Uhrlaß S., Heydel T., Nenoff P., Baums B., Schrödl W. *Trichophyton benhamiae* and *T. mentagrophytes* target guinea pigs in a mixed small animal stock. *Medical Mycology Case Reports*, 2018, vol. 23, pp. 37–42. DOI: 10.1016/j.mmcr.2018.11.005.
14. Peano A., Hubka V., Cavana P., Ottino C., Blandolino M., Molinar Min A.R., Pasquetti M. Cases of dermatophytosis caused by *Trichophyton benhamiae* var. *luteum* and *T. europaeum*, newly described dermatophytes within the *T. benhamiae* complex. *Veterinary Dermatology*, 2022, vol. 33, pp. 440–445. DOI: 10.1111/vde.13082.
15. Kimura U., Yokoyama K., Hiruma M., Kano R., Takamori K., Suga Y. Tinea faciei caused by *Trichophyton mentagrophytes* (molecular type *Arthroderma benhamiae*) mimics impetigo: a case report and literature review of cases in Japan. *Medical Mycology*, 2015, vol. 56, pp. 1–5. DOI: 10.3314/mmj.56.E1.
16. Needle D.B., Gibson R., Hollingshead N.A., Sidor I.F., Marra N.J., Rothenheber D., Thachil A.J. Atypical Dermatophytosis in 12 North American Porcupines (*Erethizon dorsatum*) from the Northeastern United States 2010–2017. *Pathogens*, 2019, vol. 8, pp. 171. DOI: 10.3390/pathogens8040171.
17. Satton D., Fotergill A., Rinal'di M. *Determinant of pathogenic and conditionally pathogenic fungi*. Moscow, Mir Publ., 2001, 486 p. (In Russian).

ИНФОРМАЦИЯ ОБ АВТОРАХ

Смагулова А.М., старший научный сотрудник; e-mail: smagulova-ainura@inbox.ru

Кухар Е.В., доктор биологических наук, директор; e-mail: kucharev@mail.ru

✉ **Глотова Т.И.**, доктор биологических наук, главный научный сотрудник; **адрес для переписки:** Россия, 630501, Новосибирская область, Новосибирский район, р.п. Краснообск, а/я 463; e-mail: t-glotova@mail.ru

Глотов А.Г., доктор ветеринарных наук, главный научный сотрудник; e-mail: glotov_vet@mail.ru

AUTHOR INFORMATION

Ainura M. Smagulova, Senior Researcher; e-mail: smagulova-ainura@inbox.ru

Elena V. Kukhar, Doctor of Science in Biology, Director; e-mail: kucharev@mail.ru

✉ **Tatyana I. Glotova**, Doctor of Science in Biology, Head Researcher; **address:** PO Box 463, Krasnoobsk, Novosibirsk District, Novosibirsk Region, 630501, Russia; e-mail: t-glotova@mail.ru

Alexander G. Glotov, Doctor of Science in Veterinary Medicine, Head Researcher; e-mail: glotov_vet@mail.ru

Дата поступления статьи / Received by the editors 06.10.2022
Дата принятия к публикации / Accepted for publication 23.12.2022
Дата публикации / Published 20.02.2023