

DOI: <https://doi.org/10.17816/humeco642725>

EDN: YIPDKR

Взаимосвязь потребления пищевых продуктов животного происхождения и микробиоты кишечника

А.В. Ермолаев^{1,2}, А.В. Лямин¹, Д.О. Горбачев¹¹ Самарский государственный медицинский университет, Самара, Россия;² 1026 центр государственного санитарно-эпидемиологического надзора военного округа, Самара, Россия

АННОТАЦИЯ

Обоснование. В современном мире питание играет ключевую роль в поддержании здоровья и благополучия человека. Однако неправильное питание и несбалансированный рацион могут привести к развитию различных алиментарно-зависимых заболеваний. В условиях организованного закрытого коллектива, где питание часто стандартизировано и ограничено, риск развития алиментарно-зависимых заболеваний возрастает. Недостаток разнообразия в рационе, низкое качество продуктов и отсутствие контроля над потреблением могут способствовать возникновению острых инфекционных и хронических заболеваний.

Цель. Оценить особенности микробиоты кишечника в зависимости от характеристики потребления пищевых продуктов животного происхождения.

Методы. В исследовании приняли участие 120 представителей мужского пола, которые были объединены в строго организованную группу с ограниченным доступом (коллектив закрытого типа). Была проведена оценка фактического питания участников на основе метода 24-часового воспроизведения суточного рациона. Микробиоту кишечника исследовали культуральным методом с применением расширенного набора питательных сред и идентификацией всех выделенных микроорганизмов с помощью MALDI-ToF масс-спектрометрии. Статистический анализ проводили с использованием специального программного обеспечения стандартного пакета StatTech v.4.2.6.

Результаты. При употреблении молока и молочных продуктов достоверно чаще были выделены *Salmonella* spp., яичных продуктов — *Agromyces* spp., *Geobacillus* spp., *Roseomonas* spp., мясных продуктов — *Lactococcus* spp., рыбных продуктов — *Limosilactobacillus* spp., *Salmonella* spp., *Micrococcus* spp., масел животного происхождения — *Klebsiella* spp., *Lactococcus* spp.

Заключение. Результаты проведенного исследования выявили ряд особенностей состава микробиоты при употреблении отдельных пищевых продуктов животного происхождения. Установлены статистически значимые корреляционные связи между употреблением готовых мясных и рыбных блюд и выделением *Lactococcus* spp., *Limosilactobacillus* spp., *Salmonella* spp., *Micrococcus* spp. Обозначена взаимосвязь между потреблением молочных и яичных продуктов питания и выделением *Salmonella* spp., *Agromyces* spp., *Geobacillus* spp., *Roseomonas* spp.

Ключевые слова: продукты питания; микробиота; пищевой статус; пищевая микробиология.

Как цитировать:

Ермолаев А.В., Лямин А.В., Горбачев Д.О. Взаимосвязь потребления пищевых продуктов животного происхождения и микробиоты кишечника // Экология человека. 2025. Т. 32, № 3. С. 195–206. DOI: 10.17816/humeco642725 EDN: YIPDKR

DOI: <https://doi.org/10.17816/humeco642725>

EDN: YIPDKR

Animal-Source Food Consumption and Gut Microbiota

Alexander V. Ermolaev^{1,2}, Artem V. Lyamin¹, Dmitrii O. Gorbachev¹¹ Samara State Medical University, Samara, Russia;² 1026 of the Center of State Sanitary and Epidemiological Surveillance, Samara, Russia

ABSTRACT

BACKGROUND: In the modern world, nutrition is essential for human health and well-being. An inadequate diet may result in a variety of nutrition-related disorders. In organized closed groups, where diets are often standardized and restricted, the risk of nutrition-related disorders increases. Insufficient dietary diversity, low food quality, and a lack of consumption control can contribute to acute infectious and chronic diseases.

AIM: The work aimed to assess the characteristics of gut microbiota depending on animal-source food consumption.

METHODS: The study included 120 male participants who were part of a highly structured, limited-access group (closed institutional group). Dietary intake was assessed using the 24-hour dietary recall method. The gut microbiota was analyzed by culture-based techniques using an extended set of growth media, with all isolated microorganisms identified by MALDI-ToF mass spectrometry. Statistical analysis was performed using the specialized software package StatTech v.4.2.6.

RESULTS: Consumption of milk and dairy products was significantly associated with *Salmonella* spp.; egg products with *Agromyces* spp., *Geobacillus* spp., and *Roseomonas* spp.; meat products with *Lactococcus* spp.; fish products with *Limosilactobacillus* spp., *Salmonella* spp., and *Micrococcus* spp.; and animal-derived fats with *Klebsiella* spp. and *Lactococcus* spp.

CONCLUSION: The study revealed several specific features in the gut microbiota composition associated with the consumption of certain animal-source foods. Significant correlations were established between the consumption of processed meat and fish and the detection of *Lactococcus* spp., *Limosilactobacillus* spp., *Salmonella* spp., and *Micrococcus* spp. Moreover, associations were found between the intake of dairy and egg products and the isolation of *Salmonella* spp., *Agromyces* spp., *Geobacillus* spp., and *Roseomonas* spp.

Keywords: food products; microbiota; nutritional status; food microbiology.

To cite this article:

Ermolaev AV, Lyamin AV, Gorbachev DO. Animal-source food consumption and gut microbiota. *Ekologiya cheloveka (Human Ecology)*. 2025;32(3):195–206. DOI: 10.17816/humeco642725 EDN: YIPDKR

Received: 09.12.2024

Accepted: 24.05.2025

Published online: 21.06.2025

DOI: <https://doi.org/10.17816/humeco642725>

EDN: YIPDKR

动物性食品摄入与肠道微生物群之间的关系

Alexander V. Ermolaev^{1,2}, Artem V. Lyamin¹, Dmitrii O. Gorbachev¹¹ Samara State Medical University, Samara, Russia;² 1026 of the Center of State Sanitary and Epidemiological Surveillance, Samara, Russia

摘要

论证。在当代社会，膳食在维持人体健康与福祉方面发挥着关键作用。然而，不良的饮食习惯和不均衡的膳食结构可能导致多种与营养相关的疾病。在饮食标准化且选择受限的封闭式集体环境中，营养相关疾病的发生风险显著增加。膳食多样性不足、食品质量较差以及缺乏摄入控制，均可能促进急性传染病和慢性病的发生。

目的。评估动物性食品摄入特点与肠道微生物群组成之间的关系。

材料与方法。本研究共纳入120名男性受试者，他们被编入一个组织结构严密、出入受限的集体（封闭式集体）。基于24小时膳食回顾法对受试者的实际膳食摄入情况进行了评估。肠道微生物群采用培养法检测，配合扩展型培养基组合，并通过MALDI-ToF质谱技术对分离的菌株进行鉴定。统计分析使用 StatTech v.4.2. 6标准软件包完成。

结果。摄入乳及乳制品者显著更常检出 *Salmonella* spp.; 摄入蛋类制品者更常检出 *Agromyces* spp., *Geobacillus* spp. 和 *Roseomonas* spp.; 摄入肉类制品者更常检出 *Lactococcus* spp.; 摄入鱼类制品者更常检出 *Limosilactobacillus* spp., *Salmonella* spp. 和 *Micrococcus* spp.; 摄入动物性油脂者则更常检出 *Klebsiella* spp. 和 *Lactococcus* spp.

结论。本研究揭示了摄入特定动物性食品与肠道微生物群组成之间的若干特征性关系。统计分析显示，摄入肉类和鱼类熟食与分离出 *Lactococcus* spp., *Limosilactobacillus* spp., *Salmonella* spp. 和 *Micrococcus* spp. 呈显著相关性。摄入乳类和蛋类食品与分离出 *Salmonella* spp., *Agromyces* spp., *Geobacillus* spp. 和 *Roseomonas* spp. 密切相关。

关键词：食品；微生物群；营养状况；食品微生物学。

引用本文：

Ermolaev AV, Lyamin AV, Gorbachev DO. 动物性食品摄入与肠道微生物群之间的关系. *Ekologiya cheloveka (Human Ecology)*. 2025;32(3): 195–206. DOI: 10.17816/humeco642725 EDN: YIPDKR

收到: 09.12.2024

接受: 24.05.2025

发布日期: 21.06.2025

ОБОСНОВАНИЕ

Рациональное питание играет ключевую роль в сохранении здоровья населения. Оптимальное питание поддерживает здоровый рост и развитие человека, помогает предотвращать заболевания, продлевает жизнь, повышает эффективность труда и обеспечивает адекватную адаптацию к окружающей среде, снижает риск возникновения алиментарно-зависимых заболеваний [1].

Многие взрослые не придерживаются принципов правильного питания, поскольку употребляют в пищу продукты, богатые животными жирами и простыми углеводами. Сохраняется тенденция к низкому употреблению продуктов растительного происхождения (овощей, фруктов), а также редкому употреблению рыбы и морепродуктов. В результате растёт количество людей с избыточным весом и ожирением [2].

Питание значительно влияет на формирование и поддержание здоровой микрофлоры кишечника. Различные виды бактерий, обитающие в кишечнике, зависят от определённых компонентов пищевых продуктов.

Желудочно-кишечный тракт характеризуется высокой концентрацией микробов, формирующих сложную экосистему — микробиоту кишечника. Филотипы микробиоты кишечника представляют собой подмножества таксонов с близкими филогенетическими связями и общими признаками. Основные типы бактерий, составляющие 90% микробиома кишечника человека, включают *Bacteroidota* (ранее *Bacteroidetes*, грамотрицательные) и *Bacillota* (ранее *Firmicutes*, грамположительные). Другие важные типы включают актинобактерии (грамположительные) и протеобактерии (грамотрицательные). Второстепенные типы включают *Verrucomicrobiota* (ранее *Verrucomicrobia*, грамотрицательные) и *Fusobacteriota* (ранее *Fusobacteria*, грамотрицательные). Соотношение филотипов в микробиоте кишечника варьирует от рациона питания. Важно отметить, что состав микробиоты кишечника у каждого человека индивидуален и может различаться не только по видовому составу, но и по функциональной активности отдельных штаммов [3, 4].

Состав кишечной микробиоты меняется в течение жизни человека как качественно, так и количественно под влиянием различных факторов, таких как питание, окружающая среда, режим сна и бодрствования, а также уровень физической активности. Проведённые исследования показывают, что питание оказывает значительное воздействие на формирование кишечной микробиоты [5].

Устоявшиеся пищевые привычки, диеты, включающие преимущественно продукты животного или растительного происхождения, могут оказывать значительное влияние на микробиоту кишечника [6, 7].

В связи с этим, по нашему мнению, важно изучить особенности питания в организованном закрытом коллективе, провести оценку состава микробиоты кишечника. Это позволит заранее выявлять потенциальные риски

развития алиментарно-зависимых заболеваний, проводить профилактические мероприятия.

Цель

Оценить особенности микробиоты кишечника в зависимости от характеристики потребления пищевых продуктов животного происхождения.

МЕТОДЫ

В исследовании приняли участие 120 человек 18–22 лет (средний возраст $18,4 \pm 0,7$ года). Участники исследования сформировали организованный коллектив закрытого типа, функционирующий в условиях жёсткой изоляции от внешней среды и имеющий строго регламентированную иерархическую структуру. В исследовании принимали участие представители мужского пола.

Критерии включения в исследование: наличие информированного добровольного согласия испытуемого на участие в исследовании; возраст от 18 до 22 лет; отсутствие любых острых инфекционных заболеваний за 6 мес. (включая заболевания желудочно-кишечного тракта); отсутствие приёма антибактериальных препаратов более трёх месяцев; отсутствие ограничений в питании (вегетарианство, сыроедение и прочее); проживание в пределах одного организованного коллектива закрытого типа.

У участников собирали биоматериал, представленный содержимым толстой кишки (кал). Биоматериал помещали в стерильный контейнер объёмом 60 мл и доставляли в микробиологическую лабораторию в медицинском контейнере (ТМ-1), который находился в сумке-чехле с хладозементами МХД-1. Сбор биоматериала проводили в соответствии с требованиями п. 6.8.3. МУ 4.2.2039-05 «Методы контроля. Биологические и микробиологические факторы. Техника сбора и транспортирования биоматериалов в микробиологические лаборатории. Методические указания».

В соответствии с ОСТ 91500.11.0004-2003 «Отраслевой стандарт "Протокол ведения больных. Дисбактериоз кишечника" предназначен для применения в системе здравоохранения Российской Федерации» были получены данные о качественном и количественном составе основной микробиоты кишечника и сопоставлены с нормальными показателями. Также были проведены дополнительные высевы. Подготовку образцов, посев и инкубацию проводили в анаэробной среде. Анаэробные условия обеспечивали при помощи анаэробной станции Bactron 300-2 (Sheldon Manufacturing Inc., США). Для микробиологического исследования отбирали образцы кала весом 1 г с последующим суспендированием в 9 мл стерильного физраствора хлорида натрия (первое разведение 10^{-1}) в анаэробных условиях. Суспендирование проводили с использованием Vortex V-1 Plus (Biosan, Латвия) в течение одной минуты. Затем проводили дополнительные

100-кратные разведения с целью получения разведения 10^{-5} . Для посева использовали 100 мкл полученной суспензии из разведения 10^{-5} . Суспензию распределили по поверхности питательной среды с использованием шпателя Дригальского.

Посев отобранного биоматериала проводили на расширенный перечень питательных сред: агар для энтеробактерий (HiMedia, Индия), агар для селективного выделения *Veillonella* spp. (HiMedia, Индия), агар для селективного выделения *Clostridium* spp. (Condalab, Испания), агар для выделения бифидобактерий (HiMedia, Индия), агар для выделения анаэробных бактерий (HiMedia, Индия), агар для селективного выделения *Brucella* spp. (HiMedia, Индия), агар для выделения, культивирования и идентификации гемолитической активности требовательных микроорганизмов (кровяной агар; HiMedia, Индия), хромогенный агар для обнаружения и подсчёта уропатогенных бактерий (HiMedia, Индия), агар для селективного выделения молочнокислых бактерий (HiMedia, Индия), агар для селективного выделения лактобактерий орального и фекального происхождения (Condalab, Испания), агар Сабуро с хлорамфениколом и циклогексимидом для селективного выделения и культивирования грибов (HiMedia, Индия).

Все посевы культивировали при температуре 37 °С в течение не менее 120 ч в бескислородных условиях анаэробной станции Bactron 300-2 (Sheldon Manufacturing Inc., США).

Для идентификации всех микроорганизмов применяли MALDI-ToF масс-спектрометрию на анализаторе MicroflexLT (Bruker, Германия) с использованием метода прямого и расширенного нанесения с добавлением муравьиной кислоты.

Питание участников исследования осуществлялось в столовой по одной норме довольствия, которая предполагает одинаковое питание по утверждённому перечню продуктов и минимальной возможности его разнообразить за счёт элементов ограниченного шведского стола. Дополнительное питание вне столовой для участников исследования было строго исключено.

Чтобы оценить фактическое питание участников, использовали метод 24-часового воспроизведения рациона. Полученные данные обрабатывали в компьютерной программе «Нутри-проф» (версия ПО № 2.9, ЭВМ № 2018616124 от 23.05.2018).

Анализировали информацию о питании каждого участника исследования за три дня. Опросы проводили в понедельник, среду и субботу. По итогам оценки фактического питания с учётом задач исследования проанализировали характер потребления пищевых продуктов животного происхождения, которые были объединены в следующие группы: «молоко и молочные продукты», «яичные продукты», «мясо, мясные продукты, готовые мясные блюда», «рыба, морепродукты, готовые рыбные блюда», «масла животного происхождения».

На основе полученных данных о фактическом потреблении группы пищевых продуктов за 3 дня была определена средняя частота потребления указанных групп в течение одного дня с указанием средней величины потребления (г/сут).

Проведение исследования одобрено этическим комитетом по биоэтике ФГБОУ ВО «Самарский государственный медицинский университет» Минздрава России, протокол № 252 от 07.09.2022. Все участники до включения в исследование добровольно подписали форму информированного согласия, утверждённую в составе протокола исследования этическим комитетом.

Статистическую обработку полученных данных проводили с помощью программного обеспечения стандартного пакета StatTech v.4.2.6 (ООО «Статтех», Россия). Исследуемые количественные показатели оценивали на предмет соответствия нормальному распределению с помощью критерия Шапиро–Уилка (при числе исследуемых менее 50) или критерия Колмогорова–Смирнова (при числе исследуемых более 50). В случае отсутствия нормального распределения количественные данные описывали с помощью медианы (Me) и нижнего и верхнего квартилей (Q1–Q3). Сравнение двух групп по количественному показателю, распределение которого отличалось от нормального, выполняли с помощью U-критерия Манна–Уитни. Различия полученных показателей считали статистически значимыми при $p < 0,05$.

Сравнение трёх и более групп по количественному показателю, распределение которого отличалось от нормального, выполняли с помощью критерия Краскела–Уоллиса, апостериорные сравнения определяли при помощи критерия Данна с поправкой Холма.

Направление и тесноту корреляционной связи между двумя количественными показателями оценивали с помощью коэффициента ранговой корреляции Спирмена (распределение выборки отличается от нормального).

РЕЗУЛЬТАТЫ

При идентификации микроорганизмов, полученных от 120 участников исследования, были обнаружены 112 различных видов. У каждого респондента было выделено от 2 до 19 видов микроорганизмов. Среднее значение количества выделенных видов микроорганизмов составило 10,4.

Содержание бактерий по филотипам представлено в табл. 1. Анализ проводили по пяти основным филотипам: *Bacillota* (ранее *Firmicutes*), *Bacteroidota* (ранее *Bacteroidetes*), *Actinomycetota* (ранее *Actinobacteria*), *Pseudomonadota* (ранее *Proteobacteria*), *Fusobacteriota* (ранее *Fusobacteria*). Определены группы, которые были отнесены к коккам и бациллам.

Проанализировали облигатную микробиоту кишечника обследуемых лиц (рис. 1). Анализ облигатной микробиоты кишечника представлен двумя этапами:

Таблица 1. Содержание основных филотипов микроорганизмов у исследуемого контингента**Table 1.** Major microbial phylotypes in the study cohort

Микробный филотип*	Количественный параметр, % выделения
<i>Bacillota</i> (ранее <i>Firmicutes</i>)	58,8
<i>Bacteroidota</i> (ранее <i>Bacteroidetes</i>)	19,6
<i>Actinomycetota</i> (ранее <i>Actinobacteria</i>)	19,6
<i>Pseudomonadota</i> (ранее <i>Proteobacteria</i>)	0,2
<i>Fusobacteriota</i> (ранее <i>Fusobacteria</i>)	1,8

Примечание. * Согласно Международному комитету по систематике прокариот (ICSP).

до формирования организованного коллектива (1-й этап исследования) и после формирования (2-й этап исследования). *Escherichia* spp., включая штамм *Escherichia coli*, является неотъемлемым компонентом кишечной микробиоты, он выявлен в 100% случаев на всех этапах исследования. Бактерии рода *Enterococcus* составили значительную часть представителей облигатной микрофлоры и были обнаружены в 86,6% случаев на 2-м этапе исследования. Наиболее значимый представитель облигатной микрофлоры *Bifidobacterium* spp. составил 48,3% на 2-м этапе исследования в сравнении с 1-м этапом (43,3%). Бактерии рода *Lactococcus* были обнаружены в 18,3% случаях на 2-м этапе исследования. Стоит отметить их уменьшение в сравнении с 1-м этапом исследования (25,8%). Представитель облигатной микрофлоры *Peptostreptococcus* spp. не был выявлен в ходе нашего исследования.

Провели корреляционный анализ между представителями облигатной микробиоты кишечника и продуктами животного происхождения (табл. 2). Устойчивая корреляционная связь была выявлена только у *Lactococcus* spp.

при употреблении мясной продукции ($p=0,017$) и сливочного масла ($p=0,049$).

Также провели корреляционный анализ между всеми видами и родами микроорганизмов (представителей облигатной, факультативной и транзитной микрофлоры) у группы людей, представляющих закрытый коллектив, и продуктами питания животного происхождения, употребляемыми ими в ходе исследования.

Выполнили статистический анализ таксонов различного уровня, включая роды и виды. Также провели статистический анализ зависимости между потреблением продуктов питания животного происхождения в организованном коллективе закрытого типа и наличием отдельных таксонов микроорганизмов в составе микробиоты кишечника. Из общего числа идентифицированных таксонов были отобраны 11 выделенных родов микроорганизмов на основе полученных статистически значимых результатов. Важно отметить, что по основным представителям микробиоты кишечника не были обнаружены статистически значимые различия в частоте встречаемости. Таким образом, были выбраны следующие таксоны микроорганизмов: *Salmonella* spp., *Agromyces* spp., *Geobacillus* spp., *Roseomonas* spp., *Lactococcus* spp., *Limosilactobacillus* spp., *Micrococcus* spp., *Klebsiella* spp.

Из представленных видовых таксонов наиболее часто выделяли *Lactococcus lactis*, *Lactococcus garvieae*, *Limosilactobacillus mucosae*, *Limosilactobacillus reuteri*, *Limosilactobacillus gastricus*, *Limosilactobacillus fermentum*, *Micrococcus luteus*, *Klebsiella pneumoniae*.

В единичных случаях выделяли следующие виды микроорганизмов: *Agromyces brachium*, *Geobacillus thermoglucosidasius*, *Roseomonas aerofrigidensis*, *Klebsiella variicola*.

Питание участников исследования осуществлялось в столовой по одной норме довольствия, которая предполагает одинаковое питание по утверждённому перечню

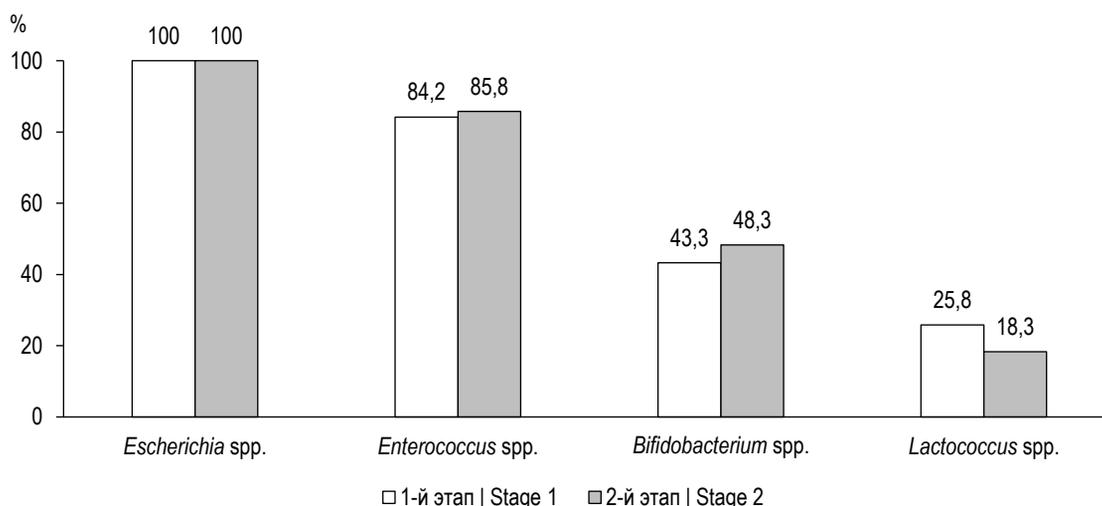


Рис. 1. Сравнительная характеристика облигатной микробиоты кишечника лиц, сформированных в организованный коллектив закрытого типа.
Fig. 1. Comparative characteristics of the obligate gut microbiota in individuals in a closed institutional group.

Таблица 2. Представители облигатной микробиоты кишечника при употреблении продуктов животного происхождения

Table 2. Representatives of the obligate gut microbiota associated with the intake of animal-source foods

Род	Группа пищевых продуктов	<i>p</i>
<i>Escherichia</i> spp.	Молочные продукты	–
	Масло животного происхождения	–
	Мясные продукты	–
	Рыбные продукты	–
<i>Lactococcus</i> spp.	Молочные продукты	0,912
	Масло животного происхождения	0,049
	Мясные продукты	0,017
	Рыбные продукты	0,673
<i>Bifidobacterium</i> spp.	Молочные продукты	0,996
	Масло животного происхождения	0,297
	Мясные продукты	0,054
	Рыбные продукты	0,686
<i>Enterococcus</i> spp.	Молочные продукты	0,946
	Масло животного происхождения	0,131
	Мясные продукты	0,831
	Рыбные продукты	0,337

продуктов питания (табл. 3) и минимальной возможности его разнообразить за счёт элементов ограниченного шведского стола. Дополнительное питание вне столовой для участников исследования было строго исключено.

Провели статистический анализ зависимости между потреблением мясных продуктов и особенностями микробиоты кишечника в организованном коллективе закрытого типа (табл. 4).

Проанализировали взаимосвязь между частотой потребления мясных продуктов и наличием бактерии *Lactococcus* spp. в просвете толстой кишки. Установлено, что при частоте употребления данного вида продуктов питания ≥ 7 снижена вероятность выделения данного микроорганизма. При употреблении в среднем $113,9 \pm 31,1$ г/сут представленных видов пищевых продуктов вероятность выявления в организме *Lactococcus* spp. снижена. Также установлено, что у 22 из 120 исследуемых при употреблении $\leq 121,4 \pm 29,6$ г/сут мясных продуктов была обнаружена *Lactococcus* spp., что составляет 18,3%.

Провели статистический анализ зависимости между потреблением рыбных продуктов и особенностями микробиоты кишечника в организованном коллективе закрытого типа (табл. 5).

Проанализировали взаимосвязь между частотой потребления рыбных продуктов и наличием бактерий *Limosilactobacillus* spp., *Salmonella* spp. *Micrococcus* spp. в просвете толстой кишки.

Установлено, что при частоте употребления данного вида пищевых продуктов ≥ 2 повышена вероятность

выделения *Limosilactobacillus* spp., вероятность выделения *Salmonella* spp., *Micrococcus* spp. снижена.

Так, при употреблении в среднем $140,0 \pm 0,1$ г/сут готовых рыбных блюд повышается вероятность обнаружения *Limosilactobacillus* spp. В частности, у 35 из 120 исследуемых, использовавших в суточном рационе рыбные блюда, были обнаружены представители рода *Limosilactobacillus*, что составляет 29,2%.

При уменьшении частоты употребления в суточном рационе представленной группы продуктов увеличивается вероятность обнаружения *Salmonella* spp., *Micrococcus* spp. Так, у 4 из 120 исследуемых, в суточном рационе которых отсутствовали рыбные блюда, были выделены представители рода *Salmonella*, что составляет 3,3%.

При употреблении данной группы продуктов $\leq 132,3 \pm 9,9$ г/сут у 42 из 120 исследуемых были выделены *Micrococcus* spp., что составило 35,0%.

Также провели корреляционный анализ между потреблением продуктов питания животного происхождения и отдельными видами микроорганизмов (табл. 6). Однако статистически значимая корреляция ($p=0,033$) определена только для вида *Micrococcus luteus*, который был выделен у 39 из 120 исследуемых и отмечается только при употреблении в пищу рыбы и морепродуктов, что составляет 32,5%.

Провели статистический анализ зависимости между потреблением масла животного происхождения и особенностями микробиоты кишечника в организованном коллективе закрытого типа (табл. 7).

Проанализировали взаимосвязь между частотой потребления масла животного происхождения и наличием бактерий *Klebsiella* spp., *Lactococcus* spp. в просвете толстой кишки. Было установлено, что при частоте употребления данного вида пищевых продуктов при ≤ 8 (7–9) повышена вероятность выделения *Klebsiella* spp., *Lactococcus* spp.

Так, при уменьшении частоты употребления в суточном рационе представленной группы продуктов увеличивается вероятность обнаружения *Klebsiella* spp., *Lactococcus* spp. У 66 из 120 участников, в суточном рационе которых потребление масел животного происхождения $\leq 15,5 \pm 1,6$ г/сут, выделяется *Klebsiella* spp., что составляет 55,0%. При употреблении данной группы продуктов $\leq 15,6 \pm 1,6$ г/сут у 22 из 120 исследуемых выделены *Lactococcus* spp., что составило 18,3%.

Дополнительно проанализировали взаимосвязь между частотой потребления молока и молочных продуктов и наличием бактерий *Salmonella* spp. в просвете толстой кишки. Было установлено, что при частоте употребления данного вида продуктов питания ≥ 4 возрастает вероятность выделения сальмонелл в кишечном содержимом. При употреблении в среднем $22,5 \pm 16,9$ г/сут молока и молочных продуктов вероятность обнаружить *Salmonella* spp. значительно увеличивается (табл. 8).

Таблица 3. Перечень продуктов питания, применяемый в рационе исследуемого контингента**Table 3.** List of food items included in the diet of the study population

Группа продуктов	Наименование готового блюда	Размер стандартной порции, г
Мясные продукты	Печень, тушённая в сметанном соусе	107
	Шницель натуральный из свинины, жаренный в кляре	200
	Сардельки свиные, отварные	80
	Свинина жареная (средней жирности)	140
	Курица отварная	100
	Гуляш из свинины с красным соусом	101
	Бефстроганов из говядины с соусом	90
	Говядина, тушённая в красном соусе	110
	Котлеты паровые (говядина, свинина), биточки	150
	Курица, жаренная в соусе по-кабардински	140
	Курица, тушённая в соусе (чахохбили)	110
	Рыбные продукты	Рыба камбала дальневосточная (жареная)
Рыба минтай, жаренная на подсолнечном масле		140
Рыба треска, жаренная на растительном масле		140
Масло животного происхождения	Масло сливочное	15
	Сало копчёное	20
Молоко и молочные продукты	Молоко 3,2% жирности (пакетированное)	200
	Сметана 10,0% жирности	10
	Сыр твёрдый	20

Таблица 4. Взаимосвязь между потреблением мясных продуктов и отдельными представителями микробиоты кишечника**Table 4.** Association between meat consumption and specific gut microbiota representatives

Группа продуктов	Выявленный тип, класс, семейство, род	Категориальный показатель	Me*	Q1–Q3	n	p
Мясные продукты	Тип: <i>Bacillota</i> Класс: <i>Bacilli</i> Семейство: <i>Streptococcaceae</i> Род: <i>Lactococcus</i>	Не выявлены	7	6–7	98	0,017
		Выявлены	6	5–7	22	

Примечание. * Me — медиана частоты употребления представленной группы продуктов за три дня.

Также дополнительно провели статистический анализ зависимости между потреблением яиц и яичных продуктов и особенностями микробиоты кишечника в организованном коллективе закрытого типа. Проанализировали взаимосвязь между частотой потребления яиц и яичных продуктов и наличием бактерий *Agromyces* spp., *Geobacillus* spp., *Roseomonas* spp. в просвете толстой кишки. Установлено, что при частоте употребления этого вида продуктов питания ≥ 3 снижена вероятность выделения данных микроорганизмов. При употреблении в среднем $29,4 \pm 21,0$ г/сут представленных видов пищевой группы продуктов статистически снижена вероятность выявления в организме бактерий родов *Agromyces*, $29,4 \pm 21,0$ г/сут — *Geobacillus*, $29,4 \pm 21,0$ г/сут — *Roseomonas*. При употреблении в среднем менее $15,0 \pm 1,0$ г/сут данного вида пищевой продукции увеличивается вероятность выявления в микробиоте кишечника представленных родов бактерий.

Следует учитывать, что в проведённом исследовании результаты получены в единичных случаях, однако при анализе статистически достоверные различия представлены для *Agromyces* spp. ($p=0,029$), *Geobacillus* spp. ($p=0,029$), *Roseomonas* spp. ($p=0,029$).

ОБСУЖДЕНИЕ

По результатам исследования В.Ю. Контаревой и соавт. [8] установлено, что при ежедневном употреблении молока и молочных продуктов снижется риск бактерионосительства *Salmonella* spp. за счёт способности молочных продуктов ингибировать рост и развитие условно-патогенных микроорганизмов. Данный факт подтверждается и другими исследованиями. Однако в нашей работе выявлена обратная корреляция между представленным видом пищевой продукции и частотой выделения представителей указанного рода микроорганизмов. Этот вопрос

Таблица 5. Взаимосвязь между потреблением рыбных продуктов и отдельными представителями микробиоты кишечника**Table 5.** Association between fish consumption and specific gut microbiota representatives

Группа продуктов	Выявленный тип, класс, семейство, род	Категориальный показатель	Me*	Q1–Q3	n	p
Рыбные продукты	Тип: <i>Bacillota</i> Класс: <i>Bacilli</i> Семейство: <i>Lactobacillaceae</i> Род: <i>Limosilactobacillus</i>	Не выявлены	1	0–2	85	0,006
		Выявлены	2	0–2	35	
	Тип: <i>Pseudomonadota</i> Класс: <i>Gammaproteobacteria</i> Семейство: <i>Enterobacteriaceae</i> Род: <i>Salmonella</i>	Не выявлены	1	0–2	116	0,026
		Выявлены	0	0–0	4	
	Тип: <i>Actinomycetota</i> Класс: <i>Actinomycetia</i> Семейство: <i>Micrococcaceae</i> Род: <i>Micrococcus</i>	Не выявлены	2	0–2	78	0,020
		Выявлены	0	0–2	42	

Примечание. * Me — медиана частоты употребления представленной группы продуктов за три дня.

Таблица 6. Взаимосвязь между потреблением рыбных продуктов и *Micrococcus luteus***Table 6.** Association between fish consumption and *Micrococcus luteus*

Выявленный тип, класс, семейство, род, вид	Категория	Рыбные продукты			p
		Me*	Q1–Q3	n	
Тип: <i>Actinomycetota</i> Класс: <i>Actinomycetia</i> Семейство: <i>Micrococcaceae</i> Род: <i>Micrococcus</i> Вид: <i>Micrococcus luteus</i>	Не выявлено	2	0–2	81	0,033
	Выявлено	0	0–2	39	

Примечание. * Me — медиана частоты употребления представленной группы продуктов за три дня.

Таблица 7. Взаимосвязь между потреблением масла животного происхождения и отдельными представителями микробиоты кишечника**Table 7.** Association between animal fat consumption and specific gut microbiota representatives

Группа продуктов	Выявленный род бактерий	Категориальный показатель	Me*	Q1–Q3	n	p
Масло животного происхождения	Тип: <i>Pseudomonadota</i> Класс: <i>Gammaproteobacteria</i> Семейство: <i>Enterobacteriaceae</i> Род: <i>Klebsiella</i>	Не выявлены	9	8–10	54	0,048
		Выявлены	8	7–9	66	
	Тип: <i>Bacillota</i> Класс: <i>Bacilli</i> Семейство: <i>Streptococcaceae</i> Род: <i>Lactococcus</i>	Не выявлены	9	8–10	98	0,049
		Выявлены	8	7–9	22	

Примечание. * Me — медиана частоты употребления представленной группы продуктов за три дня.

Таблица 8. Взаимосвязь между частотой потребления молока и молочных продуктов и отдельными представителями микробиоты кишечника**Table 8.** Association between the frequency of milk and dairy product consumption and specific gut microbiota representatives

Группа продуктов	Выявленный род бактерий	Категориальный показатель	Me*	Q1–Q3	n	p
Молоко и молочные продукты	Тип: <i>Pseudomonadota</i> Класс: <i>Gammaproteobacteria</i> Семейство: <i>Enterobacteriaceae</i> Род: <i>Salmonella</i>	Не выявлены	3	2–4	116	0,031
		Выявлены	4	4–4	4	

Примечание. * Me — медиана частоты употребления представленной группы продуктов за три дня.

остаётся предметом обсуждений и требует дополнительных исследований.

Следует отметить, что продукты питания и персонал столовой регулярно обследуют в соответствии с требованиями санитарно-эпидемиологического законодательства.

На момент нашего исследования нарушений в сфере санитарно-гигиенического законодательства по продуктам питания и рабочей смены столовой не было выявлено. Таким образом, контаминации продуктов питания от работников столовой *Salmonella* spp. сведены к минимуму.

В исследовании V. Hoffmann и соавт. [9] установлены случаи контаминации *Salmonella* spp. молока и молочных продуктов. Авторы утверждают, что бактериальное загрязнение присутствует в пастеризованном и ультрапастеризованном молоке. Так, *Salmonella* spp. была культивирована в 6,8% ($n=27/395$) образцов жидкого пастеризованного и ультрапастеризованного молока, в 5,3% ($n=21/395$) из которых выделялся патоген *Salmonella enterica*.

Установлено, что употребление в пищу масел животного происхождения также влияет на формирование микробиоты кишечника. Как описали Y. Zhan и соавт. [10], диеты с высоким содержанием насыщенных жиров могут приводить к нарушениям баланса в микробиоте кишечника (дисбиозу). Дисбиоз формируется в результате изменения соотношения *Firmicutes* и *Bacteroidetes*. Такие изменения ведут к повышению уровня провоспалительных цитокинов в кишечнике и, как следствие, к увеличению проницаемости его слизистой оболочки. Для поддержания здоровья и гомеостаза кишечной микробиоты рекомендуется придерживаться сбалансированного рациона, в котором обеспечено правильное соотношение потребления жирных кислот, особенно омега-3 и омега-6 полиненасыщенных жирных кислот.

J. Viteri-Echeverría и соавт. [11] описали применение диеты с высоким содержанием жиров пациентами с муковисцидозом. В результате выявлены значимые зависимости: уменьшение потребления белка, мяса и рыбы коррелирует с уменьшением количества бифидобактерий, увеличение потребления липидов коррелирует с увеличением количества *Escherichia* spp., *Shigella* spp., *Streptococcus* spp., а также увеличение потребления углеводов коррелирует с уменьшением количества *Veillonella* spp., *Klebsiella* spp.

Микробная обсеменённость молочных продуктов с высоким содержанием жира (например, сливочного масла) требует дальнейшего изучения. М.Ю. Сыромятников и соавт. [12] с использованием молекулярных методов исследовали микробный состав коммерческих марок сливочного масла. Так, были идентифицированы наиболее распространённые роды бактерий: *Lactobacillus* spp., *Streptococcus* spp., *Bacillus* spp., *Escherichia* spp., *Listeria* spp., *Citrobacter* spp., *Klebsiella* spp.

Согласно данным, полученным в ходе нашего исследования взаимосвязи между потреблением масла животного происхождения и некоторыми микроорганизмами, установлена статистическая значимость в отношении *Klebsiella* spp. (см. табл. 8).

X. Liu и соавт. [13] описали влияние диеты, основанной на добавлении варёных яиц в количестве двух штук в ежедневный рацион на протяжении двух недель исследования. Авторы выявили, что микробиота кишечника участников исследования содержала следующие микроорганизмы: *Acinetobacter* spp., *Alloprevotella* spp., *Escherichia* spp., *Shigella* spp., *Streptococcus* spp., *Dorea* spp., *Bifidobacterium* spp., *Bacteroides* spp., *Parabacteroides*

spp. и др. Сделан вывод, что ежедневное употребление двух яиц в течение двух недель значительно улучшает качественные и количественные показатели микробиоты кишечника, а также и положительно влияет на функцию кишечника. Описанные результаты совпадают с полученными нами данными.

Молочно-кислые бактерии являются частью микрофлоры мяса, упакованного под вакуумом или в модифицированной газовой среде. *Lactococcus* spp. широко применяется в составе заквасок, преимущественно в молочной промышленности, и также присутствует во многих ферментированных продуктах растительного происхождения. Публикуются сведения о выделении *Lactococcus* spp., которые всегда ассоциировались исключительно с молочными и растительными продуктами, из кишечника участников исследования при употреблении мяса и мясных продуктов (см. табл. 5). Этот факт расширяет понимание данных о распространении и экологии этих микроорганизмов, подчёркивая их способность адаптироваться к различным средам и пищевым источникам. Подобные тенденции также описываются в литературных источниках. Так, *Lactococcus* spp. выделен из ферментированных колбасных изделий, мясных (свинина) и рыбных продуктов [14].

Также в литературных источниках описывается широкое применение *Lactococcus* spp. в пищевой промышленности при изготовлении мясных продуктов. К примеру, *Lactococcus lactis* используют как защитную культуру для предотвращения размножения *Listeria* spp. в охлаждённых мясных продуктах. Роды бактерий *Carnobacterium*, *Lactobacillus*, *Pediococcus*, *Leuconostoc*, *Weissella* играют основную роль в порче мясных продуктов [15]. В нашем исследовании получены обратные данные (см. табл. 7, 8). Мы предполагаем, что это связано с тем, что мясные и рыбные продукты в нашем исследовании использовались без вакуума или не были помещены в модифицированные газовые среды.

В исследовании Okyere и соавт. [16] сообщается о разнообразии бактериальных сообществ в рыбных продуктах, которые они изучали. Были обнаружены такие бактерии, как *Escherichia coli*, *Shigella* spp., *Salmonella* spp., *Listeria* spp. и *Staphylococcus aureus*. Также сообщается о выявлении известных патогенных микроорганизмов, таких как *Aeromonas* spp., *Salmonella* spp., *E. coli*, *Listeria monocytogenes*, *Staphylococcus* spp., *Enterococcus* spp. и *Vibrio* spp. в проанализированной готовой рыбной продукции.

Q. Shang и соавт. [17] установили, что в ферментированной рыбной продукции присутствуют *Lactobacillus* spp., так как они непосредственно участвуют в процессе ферментации.

Также стоит обратить внимание и на выделение в рыбной продукции *Micrococcus* spp., в частности *Micrococcus luteus*. В литературных источниках отмечается описание выделения *Micrococcus* spp. на начальных этапах производства ферментированных рыбных продуктов. Можно предположить, что это связано с нарушением санитарно-гигиенических процедур при работе с сырьём. Также

следует отметить протеолитическую и липолитическую активность *Micrococcus* spp. [18].

Актуальность проблемы изучения роли микробиоты кишечника и её формирования под воздействием различных видов продуктов питания сохраняется в настоящее время. Полученные результаты позволяют предположить, что продукты животного происхождения могут оказывать влияние на формирование микробиоты кишечника. Различные научные исследования указывают на то, что микробиота может играть роль в развитии и прогрессировании различных заболеваний [19].

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Подводя итоги исследования, можно сказать о прямой связи между соблюдением диеты, включающей готовые рыбные блюда, и значительным увеличением в микробиоте кишечника количества выявляемых *Limosilactobacillus* spp., *Micrococcus* spp., в частности *Micrococcus luteus*.

Также выявлены корреляции между употреблением яиц и яичных продуктов и выделением *Agromyces* spp. *Geobacillus* spp. *Roseomonas* spp., которые не описаны в открытых литературных источниках и могут носить частный характер выявления, но при этом имеют статистически достоверные различия. Это малоисследованная микробиота человека, однако данные микроорганизмы естественным образом населяют объекты окружающей среды и в последние годы всё чаще рассматриваются как возможные участники процессов в организме человека (на примере *Rhizobium* spp).

В нашем исследовании также подтверждена корреляция между потреблением сливочного масла и *Klebsiella* spp.

Дальнейшие исследования могут дать более широкое понимание того, как разнообразные пищевые продукты влияют на здоровье человека, которое формируется при непосредственном участии микробиоты кишечника.

С учётом полученных данных для установления более достоверных связей между употреблением продуктов животного происхождения и представителями кишечной микробиоты представляется рациональным проведение аналогичных исследований с большей выборкой, разделением и расширением перечня продуктов питания, а также дроблением участников исследования на возрастные группы.

ДОПОЛНИТЕЛЬНАЯ ИНФОРМАЦИЯ

Вклад авторов. А.В. Ермолаев — концепция и дизайн исследования, сбор и обработка материала, статистическая обработка, написание, редактирование текста; Д.О. Горбачев — концепция и дизайн исследования, написание, редактирование текста; А.В. Лямин — обработка

материала, статистическая обработка, написание, редактирование текста; все авторы — утверждение окончательного варианта статьи, ответственность за целостность всех частей статьи. Все авторы одобрили рукопись (версию для публикации), а также согласились нести ответственность за все аспекты работы, гарантируя надлежащее рассмотрение и решение вопросов, связанных с точностью и добросовестностью любой её части.

Этическая экспертиза. Проведение исследования одобрено этическим комитетом по биоэтике ФГБОУ ВО «Самарский государственный медицинский университет» Минздрава России (протокол № 252 от 07.09.2022).

Согласие на публикацию. Все участники исследования добровольно подписали форму информированного согласия до включения в исследование.

Источники финансирования. Отсутствуют.

Раскрытие интересов. Авторы заявляют об отсутствии отношений, деятельности и интересов за последние три года, связанных с третьими лицами (коммерческими и некоммерческими), интересы которых могут быть затронуты содержанием статьи.

Оригинальность. При создании настоящей работы авторы не использовали ранее опубликованные сведения (текст, иллюстрации, данные).

Доступ к данным. Редакционная политика в отношении совместного использования данных к настоящей работе не применима, новые данные не собирали и не создавали.

Генеративный искусственный интеллект. При создании настоящей статьи технологии генеративного искусственного интеллекта не использовались.

Рассмотрение и рецензирование. Настоящая работа подана в журнал в инициативном порядке и рассмотрена по обычной процедуре. В рецензировании участвовали два внешних рецензента, член редакционной коллегии и научный редактор издания.

ADDITIONAL INFORMATION

Author contributions: A.V. Ermolaev: conceptualization, methodology, data curation, formal analysis, writing—original draft, writing—review & editing; D.O. Gorbachev: conceptualization, writing—original draft, writing—review & editing; A.V. Lyamin: data curation, formal analysis, writing—original draft, writing—review & editing. All the authors approved the version of the manuscript to be published and agreed to be accountable for all aspects of the work, ensuring that questions related to the accuracy or integrity of any part of the work are appropriately investigated and resolved.

Ethics approval: The study was approved by the Bioethics Committee of Samara State Medical University, Ministry of Health of Russia (Minutes No. 252 of September 7, 2022).

Consent for publication: All participants provided written informed consent prior to inclusion in the study.

Funding sources: No funding.

Disclosure of interests: The authors have no relationships, activities, or interests for the last three years related to for-profit or not-for-profit third parties whose interests may be affected by the content of the article.

Statement of originality: No previously published material (text, images, or data) was used in this work.

Data availability statement: The editorial policy regarding data sharing does not apply to this work, as no new data was collected or created.

Generative AI: No generative artificial intelligence technologies were used to prepare this article.

Provenance and peer-review: This paper was submitted unsolicited and reviewed following the standard procedure. The peer review process involved two external reviewers, a member of the editorial board, and the in-house scientific editor.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ | REFERENCES

1. Tutelyan VA, Vyalkov AI, Razumov AN. *The science of healthy eating*. Moscow: Panorama; 2010. 839 p. (In Russ.) EDN: TFKGHH
2. Tutelyan VA, Nikityuk DB. Key challenges in the dietary intake structure and cutting edge technologies for optimizing nutrition to protect the health of the Russian population. *Problems of Nutrition*. 2024;93(1):6–21. doi: 10.33029/0042-8833-2024-93-1-6-21 EDN: XCDQZJ
3. Kiprushkina EI, Kolodyaznaya VS, Filippov VI, et al. The importance of nutrition in the forming of intestinal microbiome. *Journal of International Academy of Refrigeration*. 2020;(2):52–59. doi: 10.17586/1606-4313-2020-19-2-52-59 EDN: JFZYJ
4. Stoma IO. *Microbiome in medicine: a guide for doctors*. Moscow: GEOTAR-Media; 2020. 319 p. (In Russ.) ISBN: 978-5-9704-5844-0
5. Nikonova EL, Popova EN, editors. *Microbiota*. Moscow: Media Sfera; 2019. 256 p. (In Russ.) ISBN: 978-5-89084-058-5
6. Bragina TV, Sheveleva SA, Elizarova EV, et al. The structure of blood gut microbiota markers in athletes and their relationship with the diet. *Problems of Nutrition*. 2022;91(4):35–46. doi: 10.33029/0042-8833-2022-91-4-35-46 EDN: HXIFIJ
7. Markova YuM, Sidorova YuS. Amaranth, quinoa and buckwheat grain products: role in human nutrition and maintenance of the intestinal microbiome. *Problems of Nutrition*. 2022;91(6):17–29. doi: 10.33029/0042-8833-2022-91-6-17-29 EDN: YQIQFY
8. Kontareva VYu, Kryuchkova VV. Influence of the enriched kefir products on enterobacteria development. *Food Processing: Techniques and Technology*. 2017;(4):54–59. doi: 10.21603/2074-9414-2017-4-54-59 EDN: VZJRZB
9. Hoffmann V, Simiyu S, Sewell DK, et al. Milk product safety and household food hygiene influence bacterial contamination of infant food in Peri-Urban Kenya. *Front Public Health*. 2022;9:772892. doi: 10.3389/fpubh.2021.772892
10. Zhan Y, Yong-Jiang X, Yuanfa L. Influences of dietary oils and fats, and the accompanied minor content of components on the gut microbiota and gut inflammation: A review. *Trends in Food Science & Technology*. 2021;113:255–276. doi: 10.1016/j.tifs.2021.05.001
11. Viteri-Echeverría J, Calvo-Lerma J, Ferriz-Jordán M, et al. Association between dietary intake and faecal microbiota in children with cystic fibrosis. *Nutrients*. 2023;15(24):5013. doi: 10.3390/nu15245013
12. Syromyatnikov MY, Kokina AV, Solodskikh SA, et al. High-Throughput 16S rRNA gene sequencing of butter microbiota reveals a variety of opportunistic pathogens. *Foods (Basel, Switzerland)*. 2020;9(5):608. doi: 10.3390/foods9050608
13. Liu X, Shao Y, Sun J, et al. Egg consumption improves vascular and gut microbiota function without increasing inflammatory, metabolic, and oxidative stress markers. *Food Sci Nutr*. 2021;10 (1):295–304. doi: 10.1002/fsn3.2671
14. Barakat RK, Griffiths MW, Harris LJ. Isolation and characterization of Carnobacterium, Lactococcus, and Enterococcus spp. from cooked, modified atmosphere packaged, refrigerated, poultry meat. *Int J Food Microbiol*. 2000;62(1-2):83–94. doi: 10.1016/S0168-1605(00)00381-0
15. Settler-Ramírez L, López-Carballo G, Gavara R, et al. Evaluation of Lactococcus lactis subsp. lactis as protective culture for active packaging of non-fermented foods: creamy mushroom soup and sliced cooked ham. *Food Control*. 2021;122(3):107802. doi: 10.1016/j.foodcont.2020.107802
16. Okyere A, Bishoff D, Oyaró MO, et al. Analysis of fish commonly sold in local supermarkets reveals the presence of pathogenic and multidrug-resistant bacterial communities. *Microbiology Insights*. 2018;11:1178636118786925. doi: 10.1177/1178636118786925
17. Shang Q, Li Q, Zhang M, et al. Dietary Keratan Sulfate from shark cartilage modulates gut microbiota and increases the abundance of *Lactobacillus* spp. *Mar Drugs*. 2016;14(12):224. doi: 10.3390/md14120224
18. Belleggia L, Osimani A. Fermented fish and fermented fish-based products, an ever-growing source of microbial diversity: a literature review. *Food Res Int*. 2023;172:113112. doi: 10.1016/j.foodres.2023.113112
19. Tacconi E, Palma G, De Biase D, et al. Microbiota effect on trimethylamine n-oxide production: from cancer to fitness — a practical preventing recommendation and therapies. *Nutrients*. 2023;15(3):563. doi: 10.3390/nu15030563

ОБ АВТОРАХ

*** Ермолаев Александр Вадимович;**

адрес: Россия, 443056, Самара, ул. Подшипниковая, д. 9;
 ORCID: 0000-0003-4044-9139;
 eLibrary SPIN: 1541-8495;
 e-mail: a.v.ermolaev@samsmu.ru

Лямин Артём Викторович, д-р мед. наук, доцент;

ORCID: 0000-0002-5905-1895;
 eLibrary SPIN: 6607-8990;
 e-mail: a.v.lyamin@samsmu.ru

Горбачев Дмитрий Олегович, д-р мед. наук, доцент;

ORCID: 0000-0002-8044-9806;
 eLibrary SPIN: 1276-2740;
 e-mail: d.o.gorbachev@samsmu.ru

AUTHORS' INFO

*** Alexander V. Ermolaev;**

address: 9 Podshipnikovaya st, Samara, Russia, 443056;
 ORCID: 0000-0003-4044-9139;
 eLibrary SPIN: 1541-8495;
 e-mail: a.v.ermolaev@samsmu.ru

Artem V. Lyamin, MD, Dr. Sci. (Medicine), Associate Professor;

ORCID: 0000-0002-5905-1895;
 eLibrary SPIN: 6607-8990;
 e-mail: a.v.lyamin@samsmu.ru

Dmitrii O. Gorbachev, MD, Dr. Sci. (Medicine), Associate Professor;

ORCID: 0000-0002-8044-9806;
 eLibrary SPIN: 1276-2740;
 e-mail: d.o.gorbachev@samsmu.ru

* Автор, ответственный за переписку / Corresponding author