

# Изучение кишечной микробиоты методом культуromики

Б.О.Бембеева<sup>1,2</sup>, Е.Л.Исаева<sup>1,3</sup>, В.В.Муравьева<sup>1</sup>, К.Н.Жигалова<sup>1</sup>, Р.В.Изыумов<sup>1</sup>, О.В.Нечаева<sup>1</sup>, Т.В.Припутневич<sup>1,2,3</sup>

<sup>1</sup>ФГБУ «Национальный медицинский исследовательский центр акушерства, гинекологии и перинатологии им. академика В.И.Кулакова» Минздрава России, Москва, Российская Федерация;

<sup>2</sup>ФГАОУ ВО «Российский национальный исследовательский медицинский университет им. Н.И.Пирогова» Минздрава России, Москва, Российская Федерация;

<sup>3</sup>ФГБОУ ДПО «Российская медицинская академия непрерывного профессионального образования» Минздрава России, Москва, Российская Федерация

Около 90% микроорганизмов, заселяющих кишечник, являются труднокультивируемыми облигатно-анаэробными бактериями, обнаружить которые можно исключительно с использованием метода высокопроизводительного секвенирования. Большинство из них являются продуцентами короткоцепочечных жирных кислот, которые принимают участие в регулировании функций различных систем органов. Метод культуromики, благодаря подбору условий культивирования и питательных сред, позволяет выделить данные бактерии и изучить их фенотипические свойства. Проведенное исследование посвящено изучению видового разнообразия облигатно-анаэробных бактерий кишечной микробиоты, выделенных из биологического материала взрослых людей с использованием метода культуromики, и обоснованию выбора оптимальных специализированных питательных сред для их выращивания.

**Ключевые слова:** культуromика, труднокультивируемые бактерии, облигатные анаэробы, микробиота кишечника, короткоцепочечные жирные кислоты

**Для цитирования:** Бембеева Б.О., Исаева Е.Л., Муравьева В.В., Жигалова К.Н., Изюмов Р.В., Нецаева О.В., Припутневич Т.В. Изучение кишечной микробиоты методом культуromики. Бактериология. 2024; 9(1): 58–62. DOI: 10.20953/2500-1027-2024-1-58-62

## Study of intestinal microbiota by culturomics

В.О.Бембеева<sup>1,2</sup>, Е.Л.Исаева<sup>1,3</sup>, В.В.Муравьева<sup>1</sup>, К.Н.Жигалова<sup>1</sup>, Р.В.Изыумов<sup>1</sup>, О.В.Нечаева<sup>1</sup>, Т.В.Припутневич<sup>1,2,3</sup>

<sup>1</sup>Academician V.I.Kulakov National Medical Research Center for Obstetrics, Gynecology and Perinatology, Ministry of Healthcare of the Russian Federation, Moscow, Russian Federation;

<sup>2</sup>N.I.Pirogov Russian National Research Medical University, Ministry of Healthcare of the Russian Federation, Moscow, Russia Federation;

<sup>3</sup>Russian Medical Academy of Continuous Professional Education, Ministry of Healthcare of the Russian Federation, Moscow, Russian Federation

About 90% of microorganisms in the gut are difficult culture obligate-anaerobic bacteria that can only be detected using high-throughput sequencing. Most of them are producers of short-chain fatty acids, which are involved in regulating the functions of various organ systems. The culture method allows the isolation of these bacteria and the study of their phenotypic properties due to the selection of cultivation conditions and culture media. This research is devoted to the study of species diversity of obligate-anaerobic bacteria of the gut microbiota, isolated from biological material of adults using the culturomics method, and substantiation of the selection of optimal special culture media for their cultivation.

**Key words:** culturomics, difficult culture bacteria, obligate anaerobes, gut microbiota, SCFA.

**For citation:** Bembeeva B.O., Isaeva E.L., Muravieva V.V., Zhigalova K.N., Izyumov R.V., Nechaeva O.V., Pripitnevich T.V. Study of intestinal microbiota by culturomics. Bacteriology. 2024; 9(1): 58–62. (In Russian). DOI: 10.20953/2500-1027-2024-1-58-62

### Для корреспонденции:

Бембеева Байр Очировна, заведующий врач-бактериолог референс-центра Министерства здравоохранения Российской Федерации по предупреждению распространения биологических угроз института микробиологии, антимикробной терапии и эпидемиологии ФГБУ «Национальный медицинский исследовательский центр акушерства, гинекологии и перинатологии им. академика В.И.Кулакова» Минздрава России

Адрес: 117997, Москва, ул. Акад. Опарина, 4  
Телефон: +7 962 7282135

Статья поступила 16.02.2023, принята к печати 29.03.2024

### For correspondence:

Bayr O. Bembeeva, Head-doctor-bacteriologist of the Reference Center of the Ministry of Health of the Russian Federation for the Prevention of the Prevention of Biological Threats at the Institute of Microbiology, Antimicrobial Therapy and Epidemiology, Academician V.I.Kulakov National Medical Research Center for Obstetrics, Gynecology and Perinatology, Ministry of Healthcare of the Russian Federation

Address: 4 Academician Oparin str., Moscow, 117997, Russian Federation  
Phone: +7 962 7282135  
E-mail: b\_bembeeva@oparina4.ru

The article was received 16.02.2023, accepted for publication 29.03.2024

**Ж**елудочно-кишечный тракт – это динамичная экосистема, в которой взаимодействуют триллионы бактерий, вирусов, грибов и других одноклеточных организмов [1]. Кишечная микробиота представлена 1000–1500 видов бактерий, общее количество которых превышает  $10^{14}$  клеток [2–4].

Большая часть микробиоты здорового человека представлена бактериальными филумами *Bacteroidota* и *Bacillota*. Помимо широко известных *Bifidobacterium* spp., *Prevotella* spp. *Lactobacillus* spp., в составе кишечной микробиоты в большом количестве присутствуют и другие облигатно-анаэробные микроорганизмы, крайне чувствительные к кислороду, включая *Ruminococcus* spp. и *Faecalibacterium* spp., продуцирующие метаболиты – короткоцепочечные жирные кислоты (КЦЖК), которые участвуют в регулировании функции дистальных участков слизистой оболочки кишечника и других органов, влияя в т.ч. на производство и выход иммунных клеток и антител [5–9].

На данный момент труднокультивируемые облигатно-анаэробные бактерии являются объектами повышенного интереса, поскольку развитие молекулярно-биологических методов, в частности высокопроизводительного секвенирования, позволило расширить знания о составе микробиоты кишечника. Однако существующие ограничения метагеномного анализа, не позволяющие выделить эти микроорганизмы, изучить их фенотипические свойства, способствовали масштабному развитию методов кульуромики, которые представляют собой культуральный подход, насчитывающий более 300 условий культивирования для выделения различных микроорганизмов, благодаря которому были открыты и описаны сотни новых бактерий. Использование данного метода позволило значительно расширить знания о составе микробиоты кишечника. За период 2015–2018 гг. количество микроорганизмов, выделенных методом кульуромики, увеличилось на 28%, из которых две трети относятся к новым таксонам [10].

В работах ряда зарубежных авторов показано, что, например, у пациентов, перенесших COVID-19, численность бактерий, продуцирующих КЦЖК, резко снижается, что негативно влияет на тяжесть течения как самого заболевания, так и симптомов, развивающихся после его разрешения [11]. Детальное изучение анаэробных бактерий-продуцентов КЦЖК затруднено из-за сложности их выделения из биологического материала, подбора питательных сред и условий для их культивирования и сохранения. В современной отечественной и зарубежной литературе описаны разнообразные методические подходы, однако в большинстве случаев возникают трудности с их воспроизводимостью [12]. Поэтому проблема выделения и сохранения труднокультивируемых облигатно-анаэробных бактерий остается актуальной по сей день.

**Цель работы** – изучение разнообразия труднокультивируемых облигатно-анаэробных бактерий кишечной микробиоты и оптимизация их выделения с использованием специальных питательных сред.

#### Методика исследования

Для успешного выделения труднокультивируемых, крайне чувствительных к кислороду бактерий кишечной микробиоты требуется обязательное соблюдение особых условий

преаналитического этапа микробиологического исследования. Материалом для исследования были фекалии 20 взрослых людей. Свежесобранные фекалии помещали в стерильный контейнер для сбора биоматериала, заполняя весь его объем с целью создания условий, максимально приближенных к строго анаэробным. Важные моменты преаналитического этапа: быстрая доставка биоматериала в лабораторию, поскольку труднокультивируемые облигатные анаэробы гибнут в присутствии кислорода в течение нескольких минут [13]; посев в условиях анаэробной станции (Bactron300-2, Sheldon manufacturing) в атмосфере трехкомпонентной газовой смеси ( $H_2$  – 10%,  $N_2$  – 80%,  $CO_2$  – 10%) и предварительная регенерация питательных сред. На основании данных литературы были приготовлены питательные среды в двух вариантах: жидкие и плотные, наиболее часто используемые для выделения бактерий-продуцентов КЦЖК:

№ 1 – питательная среда на основе рубленого мяса с углеводами [14];

№ 2 – питательная среда на основе рубленого мяса [15];

№ 3 – питательная среда YCFA [16];

№ 4 – питательная среда BIFIDOBACTERIUM MEDIUM [17].

Для посева из толщи заполненного контейнера отбирали 1 г фекалий и помещали в среду накопления (жидкий вариант питательных сред). Материал инкубировали при 37°C в течение 96 ч: ежедневно из пробирок отбирали половину содержимого, выполняли десятикратное разведение в физиологическом растворе и высевали на плотные питательные среды, затем добавляли в пробирки свежую питательную среду до первоначального объема. Высев на плотные питательные среды производили ежедневно в течение инкубации в жидкой среде. Результаты посевов просматривали через 48 ч, проводили подсчет выросших колоний и идентификацию выделенных бактерий методом времяпролетной масс-спектрометрии с матрично-ассоциированной лазерной десорбцией/ионизацией (MALDI-TOF MS) на масс-спектрометре Microflex с программным обеспечением MaldiBioTyper версии 4.1 (BrukerDaltoniks, Германия), а при невозможности идентификации этим методом – путем секвенирования последовательности гена 16S рибосомальной РНК (по Сэнгеру) («Нанофор-05», Россия).

#### Результаты исследования

Использование MALDI-TOF MS для идентификации выделенных труднокультивируемых облигатно-анаэробных микроорганизмов не позволило установить их видовую принадлежность ввиду отсутствия информации о них в библиотеке масс-спектрометра, что, вероятно, связано с низкой частотой применения культуральных методов для их индикации.

Методом секвенирования по Сэнгеру идентифицированы облигатно-анаэробные труднокультивируемые бактерии, относящиеся к 15 родам: *Alistipes shahii*, *Anaerostipes hadrus*, *Blautia* sp., *Blautia intestinalis*, *Blautia massiliensis*, *Blautia wexlerae*, *Catenibacterium mitsuokai*, *Coprococcus comes*, *Coprococcus eutactus*, *Dorea longicatena*, *Eubacterium hallii*, *Faecalibacterium prausnitzii*, *Fusicatenibacter saccharivorans*, *Holdemanella* sp., *Intestinimonas butyriciproducens*, *Roseburia faecis*, *Ruminococcus* sp., *Ruminococcus gnavus*, *Ruminococcus lactaris*, *Sutterella stercoricanis*.

При учете результатов роста выделенных микроорганизмов на специальных питательных средах показано, что наибольшее видовое разнообразие получено при посеве всех образцов фекалий на среду №1 (таблица). Наибольшее количество видов анаэробных бактерий ( $n = 8$ ) было выделено из первого образца фекалий №1, однако в его посевах на среды №2 и №3 количество видов оказалось ниже в 2 раза, а на среду №4 – в 4 раза. Сходные результаты получены при посеве всех исследованных образцов биоматериала.

Обращает на себя внимание, что некоторые виды бактерий (*A. hadrus*, *Holdemanella* sp.) были способны расти на нескольких питательных средах. *F. prausnitzii*, один из важнейших продуцентов КЦЖК, выделялся на средах №№ 1, 2

и 3, но не рос на среде №4. То же самое относится и к виду *R. faecis*, который выделяли преимущественно на среде №4 и реже – на среде №1. Наименьшие ростовые свойства были установлены для среды №4, поскольку на ней наблюдался рост только представителей *Roseburia* spp., что является немаловажным фактом для селективного выделения бактерий рода *Roseburia*.

Таким образом, полученные результаты позволили установить, что среди исследованных питательных сред наиболее оптимальной для выделения труднокультивируемых анаэробных бактерий является вариант среды №1, поскольку ее использование позволило выявить наибольший видовой спектр труднокультивируемых облигатно-анаэробных микроорганизмов в образцах кишечной микробиоты.

Таблица. Эффективность выделения труднокультивируемых анаэробных бактерий с использованием специальных питательных сред  
 Table. Efficiency of isolating difficult-to-cultivate anaerobic bacteria using special nutrient media

Образец фекалий / Fecal sample	Выделенные микроорганизмы (варианты питательных сред) / Isolated microorganisms (culture media options)			
	Среда / Nutrient medium №1	Среда / Nutrient medium №2	Среда / Nutrient medium №3	Среда / Nutrient medium №4
1	<i>A. hadrus</i> , <i>F. prausnitzii</i> , <i>R. lactaris</i> , <i>C. eutactus</i> , <i>Holdemanella</i> sp., <i>S. stercoricanis</i> , <i>F. saccharivorans</i> , <i>I. butyriciproducens</i>	<i>A. hadrus</i> , <i>Blautia</i> sp., <i>Holdemanella</i> sp., <i>F. prausnitzii</i>	<i>A. hadrus</i> , <i>B. wexlerae</i> , <i>C. eutactus</i> , <i>F. prausnitzii</i> , <i>F. saccharivorans</i>	<i>R. faecis</i> , <i>Roseburia</i> sp.
2	<i>R. gnavus</i> , <i>R. faecis</i> , <i>D. longicatena</i> , <i>A. shahii</i> , <i>E. hallii</i>	<i>A. shahii</i>	<i>R. gnavus</i> , <i>D. longicatena</i>	<i>R. faecis</i> , <i>Roseburia</i> sp.
3	<i>B. intestinalis</i> , <i>F. prausnitzii</i> , <i>F. saccharivorans</i>	<i>Holdemanella</i> sp., <i>Blautia</i> sp.	<i>F. saccharivorans</i> , <i>F. prausnitzii</i> , <i>B. wexlerae</i>	<i>R. faecis</i>
4	<i>D. longicatena</i> , <i>F. prausnitzii</i>	<i>F. prausnitzii</i>	<i>F. prausnitzii</i> , <i>D. longicatena</i>	–
5	<i>F. prausnitzii</i> , <i>C. comes</i> , <i>B. rovincensis</i> , <i>A. shahii</i>	<i>Blautia</i> sp., <i>A. shahii</i>	<i>F. prausnitzii</i> , <i>C. comes</i> , <i>B. wexlerae</i>	<i>Roseburia</i> sp.
6	<i>S. stercoricanis</i> , <i>L. bacterium</i> , <i>A. shahii</i> , <i>C. mitsuokai</i> , <i>E. hallii</i>	<i>A. shahii</i> , <i>E. hallii</i>	<i>A. shahii</i>	–
7	<i>F. prausnitzii</i> , <i>C. comes</i> , <i>D. longicatena</i> , <i>B. provencensis</i>	<i>F. prausnitzii</i> , <i>Blautia</i> sp.	<i>F. prausnitzii</i> , <i>D. longicatena</i>	–
8	<i>A. hadrus</i> , <i>F. prausnitzii</i> , <i>I. butyriciproducens</i>	<i>A. hadrus</i> , <i>Holdemanella</i> sp.	<i>F. prausnitzii</i> , <i>A. hadrus</i>	–
9	<i>A. hadrus</i> , <i>F. prausnitzii</i> , <i>R. gnavus</i> , <i>R. lactaris</i>	<i>A. hadrus</i> , <i>A. shahii</i>	<i>A. hadrus</i> , <i>F. prausnitzii</i> , <i>R. gnavus</i>	<i>R. faecis</i> , <i>Roseburia</i> sp.
10	<i>F. prausnitzii</i> , <i>A. shahii</i>	<i>A. shahii</i>	<i>F. prausnitzii</i> , <i>A. shahii</i>	–
11	<i>S. stercoricanis</i> , <i>D. longicatena</i> , <i>A. shahii</i> , <i>E. hallii</i>	<i>Holdemanella</i> sp., <i>A. shahii</i> , <i>E. hallii</i>	<i>D. longicatena</i>	<i>R. faecis</i> , <i>Roseburia</i> sp.
12	<i>A. hadrus</i> , <i>C. eutactus</i> , <i>C. mitsuokai</i>	<i>A. hadrus</i>	<i>A. hadrus</i> , <i>C. eutactus</i>	<i>R. faecis</i> , <i>Roseburia</i> sp.
13	<i>F. prausnitzii</i> , <i>B. provencensis</i>	<i>F. prausnitzii</i> , <i>Blautia</i> sp.	<i>B. wexlerae</i>	–
14	<i>A. hadrus</i> , <i>A. shahii</i> , <i>F. prausnitzii</i>	<i>A. hadrus</i> , <i>A. shahii</i>	<i>F. prausnitzii</i> , <i>A. hadrus</i>	<i>R. faecis</i>
15	<i>F. prausnitzii</i> , <i>D. longicatena</i> , <i>R. faecis</i>	<i>F. prausnitzii</i>	<i>F. prausnitzii</i> , <i>D. longicatena</i>	<i>R. faecis</i>
16	<i>F. prausnitzii</i> , <i>I. butyriciproducens</i> , <i>C. minuta</i>	<i>Blautia</i> sp., <i>A. shahii</i>	<i>F. prausnitzii</i> , <i>B. wexlerae</i>	<i>R. faecis</i>
17	<i>F. prausnitzii</i> , <i>A. desmolans</i> , <i>R. gnavus</i> , <i>R. lactaris</i>	<i>F. prausnitzii</i>	<i>F. prausnitzii</i> , <i>R. gnavus</i>	<i>R. faecis</i> , <i>Roseburia</i> sp.
18	<i>L. bacterium</i> , <i>A. shahii</i> , <i>F. prausnitzii</i> , <i>C. comes</i> , <i>R. faecis</i> , <i>R. gnavus</i>	<i>A. shahii</i>	<i>R. gnavus</i> , <i>F. prausnitzii</i> , <i>C. comes</i>	–
19	<i>A. hadrus</i> , <i>I. butyriciproducens</i> , <i>R. gnavus</i> , <i>A. shahii</i> , <i>C. minuta</i>	<i>A. hadrus</i> , <i>A. shahii</i>	<i>A. hadrus</i> , <i>R. gnavus</i>	<i>R. faecis</i> , <i>Roseburia</i> sp.
20	<i>S. stercoricanis</i> , <i>F. prausnitzii</i> , <i>C. catus</i> , <i>D. longicatena</i>	<i>F. prausnitzii</i> , <i>Blautia</i> sp.	<i>F. prausnitzii</i> , <i>D. longicatena</i> , <i>B. wexlerae</i>	<i>Roseburia</i> sp.

Высокие ростовые свойства варианта среды №1, вероятно, связаны с присутствием в ней моно- и дисахаридов, таких как глюкоза, целлобиоза и мальтоза, которые могут быть использованы в качестве основного энергоресурса в метаболизме труднокультивируемых облигатно-анаэробных бактерий. Кроме того, использование этой среды является экономически выгодным, так как при ее приготовлении могут быть использованы ингредиенты отечественного производства, не снижающие ее ростовые свойства.

Результаты идентификации, полученные с использованием метода секвенирования по Сэнгеру, позволили расширить базу данных масс-спектрометра путем внесения новых масс-спектров видов труднокультивируемых облигатно-анаэробных бактерий, что в дальнейшем ускорит и удешевит их идентификацию.

Подбор оптимальных условий для выделения представителей кишечной микробиоты, основанный на методах культуромики, важен для обнаружения максимального спектра микроорганизмов, особенно из числа труднокультивируемых облигатных анаэробов, при исследовании микробиоты различных биотопов человека. Использование специализированных питательных сред для накопления биомассы таких микроорганизмов открывает перспективы для конструирования новых высокоэффективных пробиотиков на основе продуцентов регуляторных метаболитов, в т.ч. и КЦЖК, применение которых не только способствует усилению барьерной функции кишечного эпителия, но и обеспечит коррекцию состояния дисбиоза, возникающего у человека после перенесенных заболеваний, и восстановление кишечной микробиоты.

### Информация о финансировании

Работа выполнена в рамках государственного задания Минздрава России «Разработка комплексного подхода к диагностике и коррекции дисбиотических нарушений микробиоты кишечника, спровоцированных антибактериальной терапией, у новорожденных детей» (124020600025-2).

### Financial support

The work was carried out within the framework of the state task of the Ministry of Health of Russia "Development of an integrated approach to the diagnosis and correction of dysbiotic disorders of the intestinal microbiota provoked by antibacterial therapy in newborns" (124020600025-2).

### Конфликт интересов

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

### Conflict of interest

The authors declare that there is no conflict of interest.

## Литература / References

- Legg K. Gut Reactions: Microbes in the Digestive Tract Influence COVID Severity. 2021.
- Bäckhed F, Ley RE, Sonnenburg JL, Peterson DA, Gordon JL. Host-bacterial mutualism in the human intestine. *Science*. 2005 Mar 25;307(5717):1915-20. DOI: 10.1126/science.1104816
- Thursby E, Juge N. Introduction to the human gut microbiota. *Biochem J*. 2017 May 16;474(11):1823-1836. DOI: 10.1042/BCJ20160510
- Gill SR, Pop M, Deboy RT, Eckburg PB, Turnbaugh PJ, Samuel BS, et al. Metagenomic analysis of the human distal gut microbiome. *Science*. 2006 Jun 2;312(5778):1355-9. DOI: 10.1126/science.1124234
- Najmi N, Megantara I, Andriani L, Goenawan H, Lesmana R. Importance of gut microbiome regulation for the prevention and recovery process after SARS-CoV-2 respiratory viral infection (Review). *Biomed Rep*. 2022 Apr;16(4):25. DOI: 10.3892/br.2022.1508
- Xu R, Lu R, Zhang T, Wu Q, Cai W, Han X, et al. Temporal association between human upper respiratory and gut bacterial microbiomes during the course of COVID-19 in adults. *Commun Biol*. 2021 Feb 18;4(1):240. DOI: 10.1038/s42003-021-01796-w
- Rajput S, Paliwal D, Naithani M, Kothari A, Meena K, Rana S. COVID-19 and Gut Microbiota: A Potential Connection. *Indian J Clin Biochem*. 2021 Jul;36(3):266-277. DOI: 10.1007/s12291-020-00948-9
- Hills RD Jr, Pontefract BA, Mishcon HR, Black CA, Sutton SC, Theberge CR. Gut Microbiome: Profound Implications for Diet and Disease. *Nutrients*. 2019 Jul 16;11(7):1613. DOI: 10.3390/nu11071613
- Lakshmy Ramakrishnan. Considering the link between microbiota health and COVID-19 severity. *Nature*, 2022.
- Diakite A, Dubourg G, Dione N, Afouda P, Bellali S, Ngom I, et al. Optimization and standardization of the culturomics technique for human microbiome exploration. *Sci Rep*. 2020 Jun 15;10(1):9674. DOI: 10.1038/s41598-020-66738-8
- Su Q, Lau RI, Liu Q, Chan FKL, Ng SC. Post-acute COVID-19 syndrome and gut dysbiosis linger beyond 1 year after SARS-CoV-2 clearance. *Gut*. 2023 Jun;72(6):1230-1232. DOI: 10.1136/gutjnl-2022-328319
- Chang Y, Hou F, Pan Z, Huang Z, Han N, Bin L, et al. Optimization of Culturomics Strategy in Human Fecal Samples. *Front Microbiol*. 2019 Dec 17;10:2891. DOI: 10.3389/fmicb.2019.02891
- Hu W, Gao W, Liu Z, Fang Z, Zhao J, Zhang H, et al. Biodiversity and Physiological Characteristics of Novel Faecalibacterium prausnitzii Strains Isolated from Human Feces. *Microorganisms*. 2022 Jan 26;10(2):297. DOI: 10.3390/microorganisms10020297
- Available at: [https://www.dsmz.de/microorganisms/medium/pdf/DSMZ\\_Medium110.pdf](https://www.dsmz.de/microorganisms/medium/pdf/DSMZ_Medium110.pdf)
- Available at: [https://www.dsmz.de/microorganisms/medium/pdf/DSMZ\\_Medium78.pdf](https://www.dsmz.de/microorganisms/medium/pdf/DSMZ_Medium78.pdf)
- Available at: [https://www.dsmz.de/microorganisms/medium/pdf/DSMZ\\_Medium1611.pdf](https://www.dsmz.de/microorganisms/medium/pdf/DSMZ_Medium1611.pdf)
- Available at: [https://www.dsmz.de/microorganisms/medium/pdf/DSMZ\\_Medium58.pdf](https://www.dsmz.de/microorganisms/medium/pdf/DSMZ_Medium58.pdf)

### Информация о соавторах:

Исаева Елена Леонидовна, кандидат медицинских наук, старший научный сотрудник лаборатории молекулярной микробиологии отдела молекулярной микробиологии и биоинформатики Института микробиологии, антимикробной терапии и эпидемиологии ФГБУ «Национальный медицинский исследовательский центр акушерства, гинекологии и перинатологии им. акад. В.И.Кулакова» Минздрава России

Муравьева Вера Васильевна, кандидат биологических наук, старший научный сотрудник лаборатории молекулярной микробиологии отдела молекулярной микробиологии и биоинформатики Института микробиологии, антимикробной терапии и ФГБУ «Национальный медицинский исследовательский центр акушерства, гинекологии и перинатологии им. акад. В.И.Кулакова» Минздрава России

Жигалова Ксения Николаевна, младший научный сотрудник лаборатории молекулярной микробиологии отдела молекулярной микробиологии и биоинформатики Института микробиологии, антимикробной терапии и эпидемиологии ФГБУ «Национальный медицинский исследовательский центр акушерства, гинекологии и перинатологии им. акад. В.И.Кулакова» Минздрава России

Измюмов Роман Викторович, научный сотрудник лаборатории молекулярной микробиологии отдела молекулярной микробиологии и биоинформатики Института микробиологии, антимикробной терапии и эпидемиологии ФГБУ «Национальный медицинский исследовательский центр акушерства, гинекологии и перинатологии им. акад. В.И.Кулакова» Минздрава России

Нечаева Ольга Викторовна, доктор биологических наук, старший научный сотрудник лаборатории молекулярной микробиологии отдела молекулярной микробиологии и биоинформатики Института микробиологии, антимикробной терапии и эпидемиологии ФГБУ «Национальный медицинский исследовательский центр акушерства, гинекологии и перинатологии им. акад. В.И.Кулакова» Минздрава России

Припутневич Татьяна Валерьевна, чл.-корр. РАН, доктор медицинских наук, директор Института микробиологии, антимикробной терапии и эпидемиологии ФГБУ «Национальный медицинский исследовательский центр акушерства, гинекологии и перинатологии им. акад. В.И.Кулакова» Минздрава России

**Information about co-authors:**

Elena L. Isaeva, PhD, MD, Senior Researcher, Laboratory of molecular microbiology, Department of molecular microbiology and bioinformatics, Microbiology, Antimicrobial therapy and Epidemiology Institute, Academician V.I.Kulakov National Medical Research Center for Obstetrics, Gynecology and Perinatology, Ministry of Healthcare of the Russian Federation

Vera V. Muravieva, PhD in Biological Sciences, Senior Researcher, Laboratory of molecular microbiology, Department of molecular microbiology and bioinformatics, Microbiology, Antimicrobial therapy and Epidemiology Institute, Academician V.I.Kulakov National Medical Research Center for Obstetrics, Gynecology and Perinatology, Ministry of Healthcare of the Russian Federation

Ksenia N. Zhigalova, Researcher, Laboratory of molecular microbiology, Department of molecular microbiology and bioinformatics, Microbiology, Antimicrobial therapy and Epidemiology Institute, Academician V.I.Kulakov National Medical Research Center for Obstetrics, Gynecology and Perinatology, Ministry of Healthcare of the Russian Federation

Roman V. Izyumov, Researcher, Laboratory of molecular microbiology, Department of molecular microbiology and bioinformatics, Microbiology, Antimicrobial therapy and Epidemiology Institute, Academician V.I.Kulakov National Medical Research Center for Obstetrics, Gynecology and Perinatology, Ministry of Healthcare of the Russian Federation

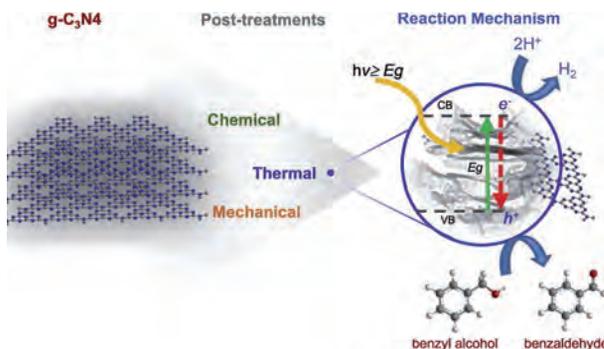
Olga V. Nechaeva, PhD, DSc (Biological Sciences), Senior Researcher, Laboratory of molecular microbiology, Department of molecular microbiology and bioinformatics, Microbiology, Antimicrobial therapy and Epidemiology Institute, Academician V.I.Kulakov National Medical Research Center for Obstetrics, Gynecology and Perinatology, Ministry of Healthcare of the Russian Federation

Tatiana V. Priputnevich, Corresponding Member of Russian Academy of Sciences, Director of Microbiology, Antimicrobial therapy and Epidemiology Institute, Academician V.I.Kulakov National Medical Research Center for Obstetrics, Gynecology and Perinatology, Ministry of Healthcare of the Russian Federation

**НОВОСТИ НАУКИ**

**Проблемы обработки, упаковки и безопасности пищевых продуктов**

В течение последних нескольких десятилетий нанотехнологии привлекали все большее внимание как потенциально ценная технология, которая значительно повлияла на пищевую промышленность. Нанотехнологии помогают улучшить свойства материалов и конструкций, используемых в различных областях, таких как сельское хозяйство, продукты питания, фармацевтика и так далее. Применение нанотехнологий на рынке продуктов питания включает инкапсулирование и распределение материалов в определенных местах, улучшение вкуса, введение антибактериальных наночастиц в пищу, улучшение длительного хранения, обнаружение загрязняющих веществ, улучшенные условия хранения, обнаружение, идентификацию, а также осведомленность потребителей. Маркировка продуктов питания нано-штрих-кодами помогает обеспечить их безопасность, а также может использоваться для отслеживания их распространения. В этой обзорной статье обсуждаются современные достижения в области нанотехнологий, а также их применение в области пищевых технологий, упаковки пищевых продуктов, продовольственной безопасности, увеличения срока службы пищевых продуктов и т.д. Дается подробное описание различных путей синтеза наноматериалов, которые. Это химические, физические и биологические методы. Нанотехнологии в области упаковки пищевых продуктов быстро совершенствуются, и в будущем открываются большие возможности для дальнейшего совершенствования за счет разработки новых наноматериалов и наносенсоров.



Singh R, et al.

*Future of Nanotechnology in Food Industry: Challenges in Processing, Packaging, and Food Safety. Global Challenges. 2023 Feb;2200209. DOI: 10.1002/gch2.202200209*