

© КОЛЛЕКТИВ АВТОРОВ, 2026

Сабанаев М.А., Кукалевская Н.Н., Давидович Н.В., Бажукова Т.А.

ПИЩЕВЫЕ ПРИВЫЧКИ КАК ФАКТОР НОСИТЕЛЬСТВА ГЕНОВ АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНОСТИ: ПОПЕРЕЧНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ

<https://elibrary.ru/hfeosu>

ФГБОУ ВО Северный государственный медицинский университет Минздрава РФ, 163000, Архангельск, Россия



Введение. Антибиотикорезистентность рассматривается как одна из ключевых угроз глобальному здравоохранению. Наряду с нерациональным применением антимикробных препаратов, всё большее внимание уделяется пищевой цепи как возможному фактору распространения антибиотикорезистентных микроорганизмов и генов устойчивости. В этой связи представляет интерес изучение связи между особенностями рациона и носительством генов антибиотикорезистентности у человека.

Цель - изучить взаимосвязь между употреблением различных пищевых продуктов и носительством генов антибиотикорезистентности у взрослого населения.

Материал и методы. Проведено одноцентровое поперечное исследование с участием 70 добровольцев в возрасте 18–44 лет, проживающих в г. Архангельске. Участники прошли анкетирование с оценкой пищевых привычек. В качестве биологического материала использовали фекалии. Выделение ДНК проводили с применением набора «Проба-НК-ПЛЮС», выявление генов антибиотикорезистентности – методом ПЦР в реальном времени с использованием набора «БакРезиста GLA». Статистическая обработка включала анализ таблиц сопряжённости 2×2 , критерий χ^2 Пирсона, точный критерий Фишера и бинарную логистическую регрессию с расчётом отношения шансов и 95 % доверительного интервала.

Результаты. Наиболее часто в исследуемом биоматериале выявлялся ген *tem* (40,0 %), тогда как гены карбапенемаз регистрировались значительно реже. Установлены статистически значимые ассоциации между носительством генов *VanA/B* (резистентность к гликопептидам – ванкомицину и тейкопланину), *CTX-M* и *SHV* (β -лактамазная резистентность, преимущественно к цефалоспорином расширенного спектра) и употреблением отдельных пищевых продуктов, включая говядину, ацидофилин, рыбу, зелёный и чёрный чай, а также морковь.

Заключение. Полученные данные указывают на потенциальную роль пищевых факторов в формировании и поддержании резистомы кишечной микробиоты человека. Необходимы дальнейшие исследования для уточнения вклада пищевой цепи в распространение генов антибиотикорезистентности.

Ключевые слова: продукты питания; резистентность; гены устойчивости; бета-лактамазы

Для цитирования: Сабанаев М.А., Кукалевская Н.Н., Давидович Н.В., Бажукова Т.А. Пищевые привычки как фактор носительства генов антибиотикорезистентности: поперечное исследование. *Клиническая лабораторная диагностика*. 2026; 71 (5): 480-486
DOI: <https://doi.org/10.51620/0869-2084-2026-71-5-480-486>
EDN: HFEOSU

Для корреспонденции: Кукалевская Наталья Николаевна, ассистент кафедры клинической биохимии, микробиологии и лабораторной диагностики; e-mail n.kukalevskaya@yandex.ru

Конфликт интересов. Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Финансирование. Исследование не имело спонсорской поддержки.

Поступила	26.03.2026
Принята к печати	11.04.2026
Опубликовано	30.04.2026

Sabanaev M.A., Kukalevskaya N.N., Davidovich N.V., Bazhukova T.A.

DIETARY HABITS AS A FACTOR IN THE CARRIAGE OF ANTIBIOTIC RESISTANCE GENES: A CROSS-SECTIONAL STUDY

Federal State Budgetary Educational Institution of Higher Education, Northern State Medical University, Ministry of Health of the Russian Federation, 163000, Arkhangelsk, Russia

Background. Antibiotic resistance is considered one of the key threats to global public health. Alongside the irrational use of antimicrobial drugs, increasing attention is being paid to the food chain as a possible factor in the spread of antibiotic-resistant microorganisms and resistance genes. In this context, it is of interest to study the relationship between dietary patterns and the carriage of antibiotic resistance genes in humans.

Aim. To study the correlation between the consumption of various food products and the carriage of antibiotic resistance genes in the adult population.

Methods. A cross sectional study was conducted involving 70 volunteers aged 18–44 years living in Arkhangelsk. Participants completed a questionnaire assessing dietary habits. Faecal samples were used as biological material. DNA extraction was performed using the «Proba NK PLUS» kit, and detection of antibiotic resistance genes was carried out by real time PCR using the «BakRezista GLA» kit. Statistical analysis included 2×2 contingency table analysis, Pearson's χ^2 test, Fisher's exact test, and binary logistic regression with calculation of odds ratios and 95 % confidence intervals.

Results. The *tem* gene was most frequently detected in the studied biological material (40.0 %), whereas carbapenemase genes were registered significantly less often. Statistically significant associations were established between the carriage of *VanA/B*, *CTX-M* and *SHV* genes and the consumption of certain food products, including beef, acidophilus milk, fish, green and black tea, and carrots.

Conclusion. The obtained data indicate the potential role of dietary factors in shaping and maintaining the resistome of the human gut microbiota. Further research is needed to clarify the contribution of the food chain to the spread of antibiotic resistance genes.

Key words: food products; resistance; antibiotic resistance gene; beta-lactamases

For citation: Sabanaev M.A., Kukalevskaya N.N., Davidovich N.V., Bazhukova T.A. Dietary habits as a factor in the carriage of antibiotic resistance genes: a cross-sectional study. *Klinicheskaya Laboratornaya Diagnostika* (Russian Clinical Laboratory

Diagnostics). 2026; 71 (5): 480-486 (in Russ.).
DOI: <https://doi.org/10.51620/0869-2084-2026-71-5-480-486>
EDN: HFEOSU

For correspondence: *Kukalevskaya N.N.*, Assistant Professor, Department of Clinical Biochemistry, Microbiology and Laboratory Diagnostics, SSMU (Arkhangelsk); e-mail: n.kukalevskaya@yandex.ru

Information about authors:

Sabanaev M.A., <https://orcid.org/0000-0001-5642-3019>;
Kukalevskaya N.N., <https://orcid.org/0000-0003-3371-1485>;
Davidovich N.V., <https://orcid.org/0000-0002-6414-9870>;
Bazhukova T.A., <https://orcid.org/0000-0002-7890-2341>.

Conflict of interests. *The authors declare absence of conflict of interests.*

Funding. *The study had no sponsor support.*

Received 26.03.2026

Accepted 11.04.2026

Published 30.04.2026

ВВЕДЕНИЕ

Всемирная организация здравоохранения рассматривает устойчивость к противомикробным препаратам, включая антибиотики, как одну из наиболее серьезных угроз глобальному здравоохранению. Антибиотикорезистентность затрагивает все регионы мира, не ограничивается отдельными возрастными или социальными группами и существенно осложняет профилактику и лечение инфекционных заболеваний [1]. Традиционно ключевыми факторами формирования резистентности считают нерациональное применение антибактериальных препаратов в клинической практике и ветеринарии. Вместе с тем в последние годы всё большее внимание уделяется пищевой цепи как потенциально значимому звену циркуляции антибиотикорезистентных микроорганизмов и генов устойчивости [2].

Пищевые продукты могут выступать не только в качестве резервуара антибиотикорезистентных бактерий, но и как фактор, влияющий на состав и функциональное состояние кишечной микробиоты, которая рассматривается как один из основных экосистемных пулов генов резистентности. Комменсальные микроорганизмы кишечника способны участвовать в горизонтальном переносе генетических детерминант устойчивости, в том числе посредством плазмид, транспозонов и других мобильных генетических элементов [3]. Вследствие этого пищевые продукты могут быть вовлечены в распространение генов антибиотикорезистентности как напрямую, через поступление контаминированных продуктов, так и опосредованно – через модуляцию микробиоты хозяина. Особое значение в данном контексте имеют продукты животного происхождения – мясо, молоко, яйца, рыба и морепродукты, которые могут содержать антибиотикорезистентные бактерии, попадающие в пищевое сырьё из кишечника животных или из окружающей среды на этапах производства и переработки. Использование антибактериальных препаратов в животноводстве создаёт селективное давление, способствующее отбору и персистенции резистентных штаммов. Попадание таких микроорганизмов в организм человека с пищей создаёт предпосылки для транзитной или устойчивой колонизации, а также для переноса генов резистентности в состав кишечного микробиома [4]. Показано, в частности, что в молоке коров, получавших антибактериальную терапию по поводу мастита, могут выявляться штаммы *Escherichia coli*, устойчивые к ампициллину (92 %) и тетрациклину (50 %) [5].

Не меньший интерес представляет и растительная продукция. Овощи и фрукты могут быть контаминированы антибиотикорезистентными микроорганизмами, как на этапе выращивания, так и в процессе транспортировки, хранения и реализации. Существенный вклад в этот процесс вносят загрязнение почвы и водных источников остаточными концентрациями антибактериальных препаратов, применение органических удобрений животного происхождения, а также воздействие продуктов биотрансформации антибиотиков. Кроме того, эндофитная микробиота растений также может содержать генетические детерминанты устойчивости и выступать дополнительным резервуаром генов антибиотикорезистентности [6].

Современные молекулярно-генетические методы, включая метагеномное секвенирование и высокопроизводительный ПЦР-анализ, существенно расширили возможности изучения генов устойчивости в пищевых продуктах. С использованием этих подходов в образцах мяса были выявлены гены резистентности к карбапенемам (*bla*NDM, *bla*OXA-48), макролидам (*erm* (B), *erm* (F)) и полимиксинам (*mcr*) [7]; в образцах коровьего молока – детерминанты устойчивости к рифампицину, аминогликозидам, тетрациклинам, сульфаниламидам, метициллину и β-лактамам антибиотикам [8]; в импортируемых морепродуктах, в частности креветках, – гены резистентности к колистину (*mcr-3* и *mcr-9*) [9]. Эти данные подтверждают, что пищевые продукты могут рассматриваться как значимый компонент экологического пула генов устойчивости.

Вместе с тем, большинство имеющихся исследований сосредоточено либо на микробиологическом анализе отдельных категорий пищевых продуктов, либо на клинических аспектах инфекций, вызванных резистентными штаммами. Влияние пищевых привычек населения как самостоятельного фактора, потенциально ассоциированного с носительством генов антибиотикорезистентности, изучено в значительно меньшей степени. Между тем систематическая оценка связи между структурой рациона и вероятностью обнаружения генетических маркеров устойчивости представляет не только теоретический, но и существенный практический интерес, поскольку может способствовать уточнению путей распространения антибиотикорезистентности на популяционном уровне.

В связи с этим целью настоящего исследования

явилось изучение взаимосвязи между употреблением различных пищевых продуктов и носительством генов антибиотикорезистентности у взрослого населения.

МАТЕРИАЛ И МЕТОДЫ

Проведено одноцентровое поперечное (кросс-секционное) исследование, в которое были включены 70 добровольцев молодого возраста, проживающих в г. Архангельске. Возраст участников составил от 18 до 44 лет, что соответствует классификации Всемирной организации здравоохранения для данной возрастной группы. Все участники исследования прошли анкетирование.

Анкета была разработана на кафедре клинической биохимии, микробиологии и лабораторной диагностики ФГБОУ ВО «Северный государственный медицинский университет» Минздрава России (г. Архангельск) с использованием данных отечественной и зарубежной литературы, посвящённой пищевым факторам, потенциально ассоциированным с носительством генов устойчивости к антимикробным препаратам. Паспортный раздел анкеты включал сведения о поле, возрасте, массе тела и росте респондентов. Отдельный блок вопросов был направлен на дополнительный отбор участников и позволял исключить лиц с хроническими заболеваниями, а также лиц, принимавших антибиотики, пробиотики или симбиотики в течение последних трёх месяцев. Заключительная часть анкеты была посвящена оценке пищевых привычек и включала вопросы о потреблении овощей, фруктов, мясных и молочных продуктов, рыбы, морепродуктов, чая и кофе.

Критериями включения в исследование являлись возраст от 18 до 44 лет включительно, нормальные значения индекса массы тела ($18,5\text{--}24,9\text{ кг/м}^2$), а также отсутствие острых и хронических воспалительных заболеваний, аутоиммунной, аллергической и эндокринной патологии, а также злокачественных новообразований.

Критериями невключения служили приём антибактериальных препаратов, пробиотиков или симбиотиков в течение трёх месяцев, предшествовавших сбору биологического материала, отсутствие подписанного добровольного информированного согласия, а также неполное заполнение анкеты участника исследования.

После завершения анкетирования у участников были собраны образцы биологического материала для лабораторного анализа. В качестве исследуемого материала использовали фекалии, который собирали в стерильные контейнеры и доставляли в лабораторию в течение 2 часов после дефекации. Выделение ДНК из образцов фекалий проводили с использованием набора реагентов «Проба-НК-Плюс» (ООО «ДНК-Технология», Россия) в соответствии с инструкцией производителя.

Выявление генов антибиотикорезистентности осуществляли методом полимеразной цепной реакции в реальном времени с использованием набора реагентов «БакРезиста GLA» (ООО «ДНК-Технология», Россия). Данный набор предназначен для выявления генов резистентности к гликопептидным и β -лактамам антибиотикам, включая *vanA/B* (устойчивость к ванкомицину и тейкопланину), *mecA* (устойчивость к метициллину и оксациллину), *tem*, *ctx-M-1*, *shv* (устойчивость к пенициллинам и цефалоспорином), а также *oxa-40-like*, *oxa-*

48-like, *oxa-23-like*, *oxa-51-like*, *imp*, *kpc*, *ges*, *ndm*, *vim*, ассоциированные с устойчивостью к карбапенемам. Амплификацию проводили на детектирующем амплификаторе ДТ-48 (ООО «ДНК-Технология», Россия) в соответствии с протоколом производителя.

Статистическую обработку данных выполняли с использованием пакета программ Stata, версия 14.0 (StataCorp, США). Категориальные переменные представлены в виде абсолютных частот и долей (%). Для оценки взаимосвязи между употреблением пищевых продуктов и наличием генов антибиотикорезистентности использовали таблицы сопряжённости 2×2 с расчётом критерия χ^2 Пирсона. При ожидаемых частотах менее 5 применяли точный критерий Фишера. Для количественной оценки ассоциации между пищевыми факторами и носительством генов антибиотикорезистентности строили модели бинарной логистической регрессии с расчётом отношения шансов (ОШ) и 95 % доверительного интервала (95% ДИ). Различия считали статистически значимыми при уровне значимости $p < 0,05$.

Исследование было одобрено локальным этическим комитетом ФГБОУ ВО «Северный государственный медицинский университет» Минздрава России (протокол № 07/09-22 от 28.09.2022). Все участники подписали добровольное информированное согласие на участие в исследовании и обработку персональных данных.

РЕЗУЛЬТАТЫ

В окончательный анализ были включены 70 участников с полным объёмом данных анкетирования и результатами молекулярно-генетического исследования. В структуре выборки преобладали женщины: 51 (72,9 %) против 19 (27,1 %) мужчин. Средний возраст обследованных составил $24,1 \pm 6,1$ года.

Структура потребления пищевых продуктов по основным категориям представлена в табл. 1. Анализ пищевых предпочтений показал, что среди мясных продуктов наиболее часто в рацион включалась курица (85,8 %), тогда как другие виды мяса, включая крольчатину, оленину и баранину, употреблялись значительно реже (11,4 %). Среди овощей наиболее распространённым было употребление огурцов (82,9 %) и помидоров (80,0 %), в то время как картофель и морковь отмечались в рационе существенно реже. В группе фруктов наибольшая частота потребления зарегистрирована для яблок (82,9 %), тогда как бананы и цитрусовые употреблялись примерно с сопоставимой частотой – 55,7 % и 52,9 % соответственно. Среди специализированных молочных продуктов наиболее часто участники употребляли биоюгurt (40,0 %), однако в целом доля лиц, регулярно включавших продукты данной категории в рацион, оставалась относительно невысокой. В категории рыба и морепродукты наиболее часто отмечалось употребление рыбы (81,4 %), тогда как среди морепродуктов наиболее предпочтительными были креветки (41,4 %). В структуре напитков преобладал чёрный чай, который употребляли 75,7 % респондентов, тогда как зелёный чай присутствовал в рационе реже (48,6 %).

По результатам ПЦР в реальном времени установлена неоднородная распространённость генов антибиотикорезистентности в исследуемом биоматериале.

Наиболее часто выявлялся ген *tem*, обнаруженный у 40,0 % обследованных. Наименьшая частота регистрации отмечена для генов карбапенемаз: *oxa-51-like* – 2,9 % и *oxa-48-like* – 1,4 %. Полученные данные свидетельствуют о неравномерной представленности различных генетических детерминант устойчивости в кишечном микробиоме обследованной популяции (см. рисунок).

Анализ ассоциаций между пищевыми привычками и носительством генов антибиотикорезистентности выявил статистически значимые связи для ряда пищевых факторов. Для гена *VanA/B* значимые ассоциации были установлены с употреблением говядины ($\chi^2 = 5,26$; $p = 0,022$), ацидофилина ($\chi^2 = 3,77$; $p = 0,031$) и чёрного чая ($\chi^2 = 4,18$; $p = 0,041$). При этом по результатам логистической регрессии употребление говядины ассоциировалось со снижением вероятности выявления гена *VanA/B*: отношение шансов составило 0,17 (95 % ДИ 0,03–0,79; $p = 0,025$) (табл. 2). Для ацидофилина аналогичная направленность связи в регрессионной модели статистической значимости не достигла: ОШ 3,46 (95 % ДИ 0,75–15,87; $p = 0,109$).

Для гена *CTX-M* статистически значимые ассоциации выявлены с употреблением ацидофилина ($\chi^2 = 4,87$; $p = 0,027$), рыбы ($\chi^2 = 7,62$; $p = 0,015$) и зелёного чая ($\chi^2 = 5,99$; $p = 0,014$). По данным логистической регрессии употребление ацидофилина сопровождалось увеличением шансов выявления гена *CTX-M* в 4,54 раза (95 % ДИ 1,1–18,1; $p = 0,037$). Напротив, употребление рыбы было связано со снижением вероятности носительства данного гена: ОШ 0,15 (95% ДИ 0,03–0,65; $p = 0,011$). Употребление зелёного чая также демонстрировало обратную направленность ассоциации (ОШ 0,37; 95 % ДИ 0,07–1,87; $p = 0,037$).

Для гена *SHV* статистически значимая ассоциация была установлена с употреблением моркови ($\chi^2 = 4,31$; $p = 0,038$). В логистической регрессионной модели употребление моркови ассоциировалось с увеличением вероятности носительства данного гена в 3,85 раза (95 % ДИ 1,02–14,58; $p = 0,047$).

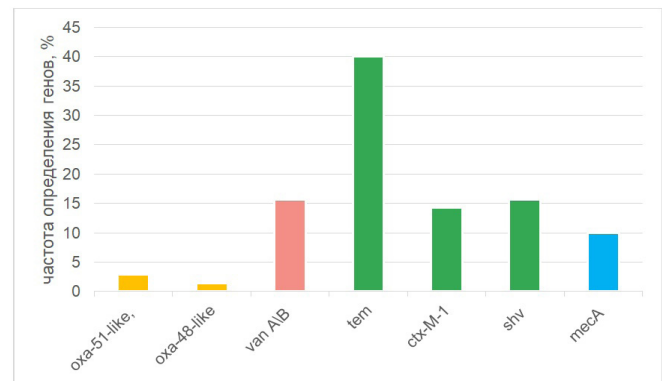
ОБСУЖДЕНИЕ

Полученные результаты подтверждают, что в исследуемой популяции кишечный микробиом характеризуется неоднородной представленностью генов антибиотикорезистентности. Наиболее часто выявлялся ген *tem*, тогда как гены карбапенемаз, в частности *oxa-51-like* и *oxa-48-like*, обнаруживались существенно реже. Такая структура в целом согласуется с данными литературы, согласно которым гены семейства *tem* относятся к числу наиболее широко распространённых детерминант β -лактаманной резистентности у энтеробактерий, хотя в ряде регионов в последние годы отмечается тенденция к возрастанию доли генов семейства *CTX-M* [10]. В то же время выявление в исследуемом материале генов *VanA/B*, *SHV*, *CTX-M* и *mecA* указывает на циркуляцию в популяции различных молекулярных механизмов устойчивости, имеющих как клиническое, так и эпидемиологическое значение.

Особый интерес представляют выявленные ассоциации между отдельными компонентами рациона и носительством генов антибиотикорезистентности. Несмотря на то, что подобные связи не позволяют делать вывод о причинно-следственном характере выявлен-

Таблица 1
Частота потребления продуктов питания, %

Категория	Вид продукта	Употребляют	Не употребляют
Мясные продукты	Курица	85,8	14,2
	Свинина	70,0	30,0
	Говядина	58,6	41,4
	Индейка	54,3	45,7
	Другие виды мяса	11,4	88,6
Овощи	Огурцы	82,9	17,1
	Помидоры	80,0	20,0
	Картофель	30,0	70,0
	Морковь	28,6	71,4
Фрукты	Яблоки	82,9	17,1
	Бананы	55,7	44,3
	Цитрусовые	52,9	47,1
Молочные продукты (специализированные)	Биойогурт	40,0	60,0
	Ацидофилин	22,9	77,1
	Биокефир	20,0	80,0
Рыба и морепродукты	Рыба	81,4	18,6
	Креветки	41,4	58,6
	Кальмары	32,9	67,1
	Мидии	18,6	81,4
Напитки	Чёрный чай	75,7	24,3
	Зелёный чай	48,6	51,4



Частота выявления генов антибиотикорезистентности в фекалиях обследованных: *vanA/B* – гены резистентности к гликопептидам; *mecA* – к метициллину; *tem*, *CTX-M*, *SHV* – β -лактамазные гены резистентности к пенициллинам и цефалоспорином; *oxa-like*, *imp*, *kpc*, *ges*, *ndm*, *vim* – гены карбапенемаз

Таблица 2
Результаты оценки ассоциации пищевых продуктов с генами антибиотикорезистентности методом логистической регрессии

Ген	Продукты	ОШ, [95% ДИ]	p
<i>Van A/B</i>	Говядина	0,17 [0,03 – 0,79]	0,025
	Ацидофилин	3,46 [0,75 – 15,87]	0,109
	Чёрный чай	-	-
<i>CTX-M</i>	Ацидофилин	4,54 [1,1 – 18,1]	0,037
	Рыба	0,15 [0,03 – 0,65]	0,011
	Зелёный чай	0,37 [0,07 – 1,87]	0,037
<i>SHV</i>	Морковь	3,85 [1,02–14,58]	0,047

ных эффектов, они указывают на потенциальную роль пищевых факторов в формировании и поддержании пула генов устойчивости в кишечном микробиоме человека. С эпидемиологической точки зрения это согласуется с современными представлениями о пищевой цепи как об одном из возможных путей распространения антибиотикорезистентных микроорганизмов и мобильных генетических элементов.

Выявленная обратная ассоциация между употреблением говядины и обнаружением гена *VanA/B* требует осторожной интерпретации. С одной стороны, её можно объяснить тем, что применение гликопептидов в животноводстве в настоящее время существенно ограничено¹, что снижает вероятность широкого распространения ванкомицин-ассоциированных детерминант устойчивости в мясной продукции. С другой стороны, дополнительное значение может иметь термическая обработка мяса, способная уменьшать бактериальную контаминацию пищевого продукта и, соответственно, снижать вероятность поступления резистентных микроорганизмов в желудочно-кишечный тракт человека [11]. Вместе с тем нельзя исключить, что обнаруженная связь частично обусловлена особенностями структуры рациона, условиями приготовления пищи или иными неучтёнными факторами.

Ассоциация генов *Van A/B* и *CTX-M* с употреблением ацидофилина представляется особенно значимой, поскольку данный продукт традиционно воспринимается как компонент рациона с потенциально благоприятным влиянием на микробиоту. Теоретически такая связь может быть обусловлена тем, что отдельные бактериальные штаммы, входящие в состав ферментированных продуктов, при определённых условиях способны выступать резервуаром генов устойчивости или участвовать в горизонтальном переносе генетических детерминант между микроорганизмами [12]. Однако данное предположение требует крайне взвешенной интерпретации. Само по себе наличие статистической ассоциации не свидетельствует о том, что ацидофилин является непосредственным источником колонизации резистентными штаммами. Более вероятно, что выявленная связь отражает сложное взаимодействие между составом продукта, индивидуальными особенностями кишечной микробиоты, частотой потребления и другими диетическими привычками участников. Кроме того, используемые в пищевой промышленности пробиотические культуры, как правило, проходят оценку безопасности, включая анализ наличия потенциально значимых генов устойчивости [13].

Менее очевидной с биологической точки зрения является связь гена *VanA/B* с употреблением чёрного чая. Возможным объяснением может быть опосредованное влияние биологически активных компонентов чая на состав и метаболическую активность кишечной микробиоты. Известно, что полифенольные соединения способны оказывать антимикробное и селективное действие в отношении различных бактериальных

таксонов, тем самым потенциально изменяя структуру микробного сообщества [14]. Теоретически такие изменения могут создавать условия, благоприятствующие сохранению или детекции отдельных генов устойчивости. Вместе с тем не исключены и альтернативные объяснения, включая особенности сопутствующего пищевого поведения, различия в образе жизни респондентов и случайный характер обнаруженной ассоциации на фоне ограниченного объёма выборки.

Выявленная положительная ассоциация между употреблением моркови и носительством гена *SHV* также заслуживает внимания. Овощная продукция может контаминироваться антибиотикорезистентными микроорганизмами на различных этапах — от выращивания до хранения и реализации. Для корнеплодов это особенно актуально в силу их непосредственного контакта с почвой, которая может содержать резистентные бактерии и гены устойчивости вследствие внесения органических удобрений, использования загрязнённой воды или других агротехнических факторов [4]. Дополнительную роль могут играть условия хранения, способствующие выживанию и накоплению микроорганизмов, а также перекрёстная контаминация при совместном хранении с другими пищевыми продуктами [15].

Отдельного обсуждения заслуживает расхождение между результатами анализа таблиц сопряжённости и логистической регрессии по ряду показателей. Подобная ситуация может быть обусловлена несколькими причинами. Во-первых, критерий χ^2 отражает наличие общей статистической связи между переменными, но не позволяет оценить направление и величину эффекта. Во-вторых, логистическая регрессия даёт более информативную количественную характеристику ассоциации, однако её устойчивость существенно зависит от объёма выборки, распределения наблюдений по группам и числа событий. В условиях относительно небольшого числа участников отдельные модели могли обладать ограниченной статистической мощностью, что требует осторожности при интерпретации результатов, особенно в случае широких доверительных интервалов.

Следует также учитывать ряд ограничений настоящего исследования. Во-первых, поперечный дизайн не позволяет установить временную последовательность между особенностями питания и носительством генов антибиотикорезистентности. Во-вторых, исследование выполнено в одном центре и на сравнительно небольшой выборке, что ограничивает возможность экстраполяции результатов на более широкую популяцию. В-третьих, пищевые привычки оценивались с помощью анкетирования, что потенциально сопряжено с риском информационной ошибки и субъективности ответов. Наконец, выявленные ассоциации могут частично отражать влияние неучтённых смешивающих факторов, включая особенности образа жизни, условий хранения и приготовления пищи, а также индивидуальный состав кишечной микробиоты.

Тем не менее, полученные данные представляют интерес как с научной, так и с практической точки зрения. Результаты исследования указывают на то, что пищевые продукты могут рассматриваться не только как источник нутриентов, но и как потенциальный фактор, связанный с циркуляцией генов антибиотикорезистентности в человеческой популяции. Это подчёркивает не-

¹ Приказ Министерства сельского хозяйства Российской Федерации от 18.11.2021 № 771 «Об утверждении Перечня лекарственных препаратов, предназначенных для лечения инфекционных и паразитарных болезней животных, вызываемых патогенными микроорганизмами и условно патогенными микроорганизмами, в отношении которых вводится ограничение на применение в лечебных целях, в том числе для лечения сельскохозяйственных животных». <https://www.garant.ru/products/ipo/prime/doc/403031213/>.

обходимость дальнейших исследований, направленных на уточнение механизмов передачи генов устойчивости по пищевой цепи, а также на оценку вклада отдельных компонентов рациона в формирование резистомы кишечной микробиоты.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Проведённое исследование показало, что у молодых взрослых, проживающих в г. Архангельске, в кишечном микробиоме выявляется широкий спектр генов антибиотикорезистентности, при этом наиболее часто определялся ген *tem*, тогда как гены карбапенемаз регистрировались существенно реже. Полученные данные свидетельствуют о неоднородной структуре генетических детерминант устойчивости к антимикробным препаратам в обследованной популяции.

Установлены статистически значимые ассоциации между отдельными компонентами рациона и носительством генов антибиотикорезистентности. Наиболее значимые связи выявлены для генов *VanA/B*, *CTX-M* и *SHV*, ассоциированных с употреблением говядины, ацидофилина, рыбы, зелёного и чёрного чая, а также моркови. Эти результаты указывают на потенциальную роль пищевых факторов в формировании и поддержании резистомы кишечной микробиоты человека.

Вместе с тем, выявленные ассоциации следует интерпретировать с осторожностью, поскольку поперечный дизайн исследования не позволяет установить причинно-следственные связи, а ограниченный объём выборки и одноцентровый характер работы снижают возможности экстраполяции полученных данных на более широкую популяцию. Тем не менее, результаты исследования подчёркивают значимость пищевой цепи как возможного пути циркуляции генов антибиотикорезистентности и обосновывают необходимость дальнейших исследований в данном направлении с расширением выборки, более детальной оценкой структуры питания и применением углублённых молекулярно-генетических методов анализа.

ЛИТЕРАТУРА (пп. 7-9 см. REFERENCES)

1. Всемирная организация здравоохранения. ВОЗ предупреждает о широком распространении устойчивости к распространённым антибиотикам во всём мире: пресс-релиз от 13.10.2025. <https://www.who.int/ru/news/item/13-10-2025-who-warns-of-widespread-resistance-to-common-antibiotics-worldwide>.
2. Шевелёва С.А. Антибиотикоустойчивые микроорганизмы в пище как гигиеническая проблема (обзорная статья). *Гигиена и санитария*. 2018; 97(4):342-54. DOI: 10.47470/0016-9900-2018-97-4-342-354.
3. Давидович Н.В., Кукалевская Н.Н., Башилова Е.Н., Бажукова Т.А. Основные принципы эволюции антибиотикорезистентности у бактерий (обзор литературы). *Клиническая лабораторная диагностика*. 2020; 65 (6):387-93. DOI: 10.18821/0869-2084-2020-65-6-387-393.
4. Сазыкин И.С., Хмелевцова Л.Е., Селиверстова Е.Ю., Сазыкина М.А. Влияние антибиотиков, используемых в животноводстве, на распространение лекарственной устойчивости бактерий (обзор). *Прикладная биохимия и микробиология*. 2021; 57(1):24-35. DOI: 10.31857/S0555109921010335.
5. Чаплыгина О.С., Козлова О.В., Жарко М.Ю., Петров А.Н. Оценка биологической безопасности молочных продуктов, содержащих антибиотики. *Техника и технология пищевых производств*. 2023; 3(1):192-201. DOI: 10.21603/2074-9414-2023-1-2427.
6. Захарова Е.А., Лямин А.В., Сустретов А.С., Каюмов К.А., Алек-

сеев Д.В., Платонов В.И., и др. Антибиотикорезистентность — все ли источники мы учли? *Клиническая микробиология и антимикробная химиотерапия*. 2025; 27(2):229-37. DOI: 10.36488/cmac.2025.2.229-237.

10. Устюжанин А.В., Чистякова Г.Н., Ремизова И.И. Генетический профиль антибиотикорезистентности штаммов энтеробактерий, выделенных от пациентов акушерско-гинекологического и педиатрического профилей. *Вестник охраны материнства и младенчества*. 2024; 1(3):72-9. DOI: 10.69964/BMCC-2024-1-3-72-79.
11. Кальницкая О.И. Влияние параметров термической обработки мяса на уменьшение в нем остатков антибиотиков. *Ветеринарная патология*. 2008; 2 (25):73-5.
12. Алыбаева А.Ж., Саубенова М.Г., Олейникова Е.А., Чижаева А.В., Айтжанова А.А., Амангелды А.А. и др. Молочнокислые бактерии против антибиотикорезистентных патогенов. *Микробиология және вирусология*. 2021; 1-2 (32-33):1-16.
13. Кайбышева В.О., Никонов Е.Л. Пробиотики с позиции доказательной медицины. *Доказательная гастроэнтерология*. 2019; 8(3):45-54. DOI: 10.17116/dokgastro2019803145.
14. Цикуниб А.Д., Шестопалова Д.И. Современные представления об особенностях и биохимических механизмах влияния биологически активных веществ зеленого и черного чая на функциональные возможности и здоровье человека. *Международный журнал прикладных и фундаментальных исследований*. 2024; 4:10-5. DOI: 10.17513/mjpf.13620.
15. Панасенко Е.Ю. Совершенствование технологии хранения корнеплодов овощных культур с применением биопрепаратов и электромагнитных полей крайне низкой частоты. Дисс. ... канд. сельскохозяйственных наук. Краснодар: Северо-Кавказский федеральный научный центр садоводства, виноградарства и виноделия; 2019.

REFERENCES

1. World Health Organization (WHO) warns of widespread antibiotic resistance globally: press release dated 13.10.2025. <https://www.who.int/ru/news/item/13-10-2025-who-warns-of-widespread-resistance-to-common-antibiotics-worldwide>. (in Russian)
2. Sheveleva S.A. Antimicrobial-resistant microorganisms in food as a hygienic problem. *Gigiena i sanitariya*. 2018; 97(4):342-54. DOI: 10.47470/0016-9900-2018-97-4-342-354. (in Russian)
3. Davidovich N.V., Kukalevskaya N.N., Bashilova E.N., Bazhukova T.A. General principles of antibiotic resistance evolution in bacteria (review of literature). *Klinicheskaya Laboratornaya Diagnostika*. 2020; 65(6):387-93. DOI: 10.18821/0869-2084-2020-65-6-387-393. (in Russian)
4. Sazykin I.S., Khmelevtsova L.E., Seliverstova E.Yu., Sazykina M.A. The impact of antibiotics used in animal husbandry on the spread of bacterial drug resistance (review). *Prikladnaya biokhimiya i mikrobiologiya*. 2021; 57(1):24-35. DOI: 10.31857/S0555109921010335. (in Russian)
5. Chaplygina O.S., Kozlova O.V., Zharko M.Yu., Petrov A.N. Assessing the Biological Safety of Dairy Products with Residual Antibiotics. *Tekhnika i tekhnologiya pishchevykh proizvodstv*. 2023; 3(1):192-201. DOI: 10.21603/2074-9414-2023-1-2427. (in Russian)
6. Zakharova E.A., Lyamin A.V., Sustretov A.S., Kayumov K.A., Alekseev D.V., Platonov V.I. et al. Antimicrobial resistance — are we aware of all the sources? *Klinicheskaya mikrobiologiya i antimirnaya khimioterapiya*. 2025; 27(2):229-37. DOI: 10.36488/cmac.2025.2.229-237. (in Russian)
7. Thoenen L., Hummerjohann J., Schwendimann L., Marti E. Phenotypic and genotypic characterization of antibiotic-resistant bacteria from Swiss ready-to-eat meat products. *Frontiers in Microbiology*. 2025; 16:1649307. DOI: 10.3389/fmicb.2025.1649307.
8. Rubiola S., Chiesa F., Dalmasso A., Di Ciccio P., Civera T. Detection of antimicrobial resistance genes in the milk production environment: impact of host DNA and sequencing depth. *Frontiers in Microbiology*. 2020; 11:1983. DOI: 10.3389/fmicb.2020.01983.
9. Hassan J.W., Xu T., Osman M., Schiff S.J., Mann D., Deng X. et al. Introduction of the transmissible mobile colistin resistance genes *mcr-3* and *mcr-9* to the USA via imported seafood. *mSphere*. 2025; 10(7):e0025325. DOI: 10.1128/msphere.00253-25.
10. Ustyuzhanin A.V., Chistyakova G.N., Remizova I.I. Genetic profile

of antibiotic resistance of enterobacteria strains isolated from obstetrics, gynecology and pediatric patient. *Vestnik okhrany materinstva i mladenchestva*. 2024; 1(3):72-9. DOI: 10.69964/BMCC-2024-1-3-72-79. (in Russian)

11. Kal'nitskaya O.I. The influence of meat thermal processing parameters on the reduction of antibiotic residues in it. *Veterinarnaya patologiya*. 2008; 2(25):73-5. (in Russian)
12. Alybayeva A.Zh., Saubenova M.G., Oleinikova E.A., Chizhayeva A.V., Aitzhanova A.A., Amangeldi A.A. et al. Lactic bacteria against antibiotic-resistant pathogens. *Mikrobiologiya zhene virusologiya*. 2021; 1-2 (32-33):1-16. (in Russian)
13. Kaybysheva V.O., Nikonov E.L. Probiot-

ics from the standpoint of evidence-based medicine. *Dokazatel'naya gastroenterologiya*. 2019; 8(3):45-54. DOI: 10.17116/dokgastro2019803145. (in Russian)

14. Tsikunib A.D., Shestopalova D.I. Modern views about the features and biochemical mechanisms of the influence of biologically active substances of green and black tea on functional capabilities and human health. *Mezhdunarodnyi zhurnal prikladnykh i fundamental'nykh issledovaniy*. 2024; 4:10-5. DOI: 10.17513/mjpf.13620. (in Russian)
15. Panasenko E.Yu. Improving the storage technology of vegetable root crops using biological products and extremely low-frequency electromagnetic fields. Diss. ... Krasnodar; 2019. (in Russian)

ОКТЕНИДИН ЭКОЛАБ



**Антисептик широкого
спектра действия**

Безопасен
для детей
и взрослых

Не содержит спирта

Способствует
заживлению ран



**Обработка кожи,
поверхностей,
инструментов
и других предметов**



**ПОКУПАЙТЕ
НА МАРКЕТПЛЕЙСАХ**

