



Смотрина Ю.В., Маркова Ю.М., Стеценко В.В., Полянина А.С., Быкова И.Б.,
Ефимочкина Н.Р., Шевелева С.А.

***Cronobacter sakazakii* и сопутствующие энтеробактерии из сухого детского питания: профиль устойчивости к антибиотикам**

ФГБУН «Федеральный исследовательский центр питания и биотехнологии», 109240, Москва, Россия

РЕЗЮМЕ

Введение. *Cronobacter sakazakii* — облигатный патоген для детей раннего возраста с ослабленным иммунитетом, вызывающий некротизирующий энтероколит, менингит и сепсис. Основным фактором передачи данных инфекций являются сухие смеси для искусственного вскармливания. Наряду с *C. sakazakii* в сухих продуктах для детского питания выявляются и другие энтеробактерии, некоторые из которых относятся к оппортунистическим патогенам.

Поскольку все эти бактерии могут проявлять терморезистентность, переживая такой фактор технологического стресса, как сушка при высоких температурах, возможно наличие у них других изменённых свойств, к которым относится и антимикробная резистентность (АМР).

Цель исследования — оценка профиля АМР, в том числе к клинически значимым антимикробным препаратам (АМП), у бактерий *C. sakazakii* и сопутствующих им энтеробактерий, изолированных из циркулирующих на рынке Российской Федерации сухих продуктов для детей раннего возраста. **Материалы и методы.** Исследовали 177 образцов сухих молочных смесей и компонентов для их производства методом бакпосева с двухстадийным обогащением с последующей биохимической идентификацией изолятов. У выделенных грамотрицательных бактерий и сопутствующих изолятов изучен фенотипический профиль АМР диско-диффузионным методом, для изолятов *C. sakazakii*, *Klebsiella* spp., *Acinetobacter baumannii* дополнительно устанавливали значения минимальных ингибирующих концентраций (МИК).

В экстрактах ДНК у выделенных штаммов исследовали гены, кодирующие бета-лактамазы расширенного спектра (*tem*, *shv*, *ces*, *kpc*, *ctx*), карбапенемазы (*ges*, *kpc*, *оха*) и металло-бета-лактамазы (*imp*, *vim*), методом ПЦР с использованием набора БакРезиста GLA. Исследование гена семейства *RND*, кодирующего эффлюкс АМП из клетки и множественную резистентность *adeF*, производили с помощью ПЦР в реальном времени с предварительно подобранными специфичными праймерами, с последующим подтверждением в геле-электрофорезе.

Результаты. Установлено, что 8,5% сухих продуктов для детского питания были контаминированы бактериями *Cronobacter* spp., а 38,4% — другими терморезистентными *Enterobacteriaceae*. Всего изучено 65 штаммов: *Cronobacter* spp. (15 штаммов) и сопутствующие *Enterobacteriaceae* spp. (49), а также *Acinetobacter baumannii* (1). Фенотипически все штаммы *Cronobacter* spp., а также *Klebsiella* spp., *A. baumannii* проявляли высокий уровень АМР к антибиотикам бета-лактаминового ряда, в том числе приоритетного класса (карбапенемам), и обладали множественной АМР к 2–13 антибиотикам. Изучение генного потенциала АМР к бета-лактаминам антибиотикам у *Cronobacter* и других терморезистентных бактерий из сухих детских продуктов показало наличие генов бета-лактамаз расширенного спектра действия (БЛРС) у оппортунистических патогенов *Klebsiella pneumoniae*, *Acinetobacter baumannii*, относимых к группе *ESKAPE*.

Ограничения исследования. Не исследованы механизмы генетического потенциала резистентности, подтверждающие трансмиссивную природу АМР.

Заключение. При контроле *Cronobacter* spp. в сухих продуктах для грудных детей целесообразно идентифицировать сопутствующие терморезистентные грамотрицательные бактерии. При обнаружении среди них представителей группы *ESKAPE* важно изучать наличие у них АМР к клинически значимым АМП и факторов патогенности. Полученные данные будут полезны для будущих рекомендаций по контролю качества компонентов и эффективности режимов производства сухих молочных смесей и каш в отношении терморезистентных бесспорных бактерий для снижения рисков попадания болезнетворных патогенов.

Ключевые слова: *Cronobacter sakazakii*; детские смеси; антимикробная резистентность; карбапенемазы; бета-лактамазы; БЛРС; *Enterobacteriaceae* spp.

Соблюдение этических стандартов. Исследование не требует представления заключения комитета по биомедицинской этике.

Для цитирования: Смотрина Ю.В., Маркова Ю.М., Стеценко В.В., Полянина А.С., Быкова И.Б., Ефимочкина Н.Р., Шевелева С.А. *Cronobacter sakazakii* и сопутствующие энтеробактерии из сухого детского питания: профиль устойчивости к антибиотикам. *Гигиена и санитария*. 2026; 105(6): 645–653. <https://doi.org/10.47470/0016-9900-2026-105-6-645-653> <https://elibrary.ru/noyshu>

Для корреспонденции: Смотрина Юлия Владимировна, e-mail: yukorotkevich@gmail.com

Вклад авторов: Смотрина Ю.В. — сбор материала и обработка данных, написание текста и редактирование; Маркова Ю.М. — сбор материала и обработка данных; Стеценко В.В. — сбор материала и обработка данных; Быкова И.Б. — сбор материала и обработка данных; Полянина А.С. — сбор материала и обработка данных; Шевелева С.А. — концепция и дизайн исследования, редактирование; Ефимочкина Н.Р. — концепция и дизайн исследования, редактирование. Все соавторы — утверждение окончательного варианта статьи и ответственность за целостность всех её частей.

Конфликт интересов. Авторы декларируют отсутствие явных и потенциальных конфликтов интересов в связи с публикацией данной статьи.

Финансирование. Исследование выполнено за счёт гранта Российского научного фонда № 23-16-00163, <https://rscf.ru/project/23-16-00163/>

Поступила: 07.12.2025 / Принята к печати: 18.06.2026 / Опубликовано: 31.07.2026

Yulia V. Smotrina, Yulia M. Markova, Valentina V. Stetsenko, Anna S. Polyana, Irina B. Bykova, Natalya R. Efimochkina, Svetlana A. Sheveleva

***Cronobacter sakazakii* and related enterobacteria from dry baby food: a profile of antibiotic resistance**

Federal Research Centre of Nutrition, Biotechnology and Food Safety, Moscow, 109240, Russian Federation

ABSTRACT

Introduction. *Cronobacter sakazakii* (*C. sakazakii*) is an obligate pathogen in neonates, causing necrotizing enterocolitis, meningitis, and sepsis. The main transmission factor for these infections is powdered infant formula. Along with *C. sakazakii*, other Enterobacteriaceae spp., some of which are opportunistic pathogens, have been detected in dry foods for infants. Since all these bacteria are capable of exhibiting thermoresistance, surviving a technological stress such as the high-temperature drying process, there is a possibility that they also have other altered properties, in particular, antimicrobial resistance (AMR).

Objective. To evaluate the AMR profile, including resistance to clinically significant antimicrobial drugs, in *C. sakazakii* and other co-isolated Enterobacteriaceae spp. isolated from dry foods for infants available on the Russian market.

Materials and Methods. A total of one hundred seventy seven samples of dry foods for infants and components for their production were analyzed using bacterial culture with two-stage enrichment followed by biochemical identification of the isolates. The phenotypic AMR profile of the isolated Gram-negative and associated isolates was studied using the disk-diffusion method. For *C. sakazakii*, *Klebsiella* spp., and *Acinetobacter baumannii* isolates, minimum inhibitory concentrations (MICs) were additionally determined. DNA extracts from the isolated strains were analyzed by PCR for genes encoding extended-spectrum β -lactamases (*tem*, *shv*, *ges*, *kpc*, *ctx*), carbapenemases (*ges*, *kpc*, *oxa*), and metallo- β -lactamases (*imp*, *vim*) and the multidrug efflux pump gene *adeF*.

Results. Among dry foods for infants, 8.5% were contaminated with *Cronobacter* spp. and 38.4% - with other thermoresistant Enterobacteriaceae. A total of 65 strains were studied - 15 *Cronobacter* spp. and 49 co-isolated Enterobacteriaceae spp. Phenotypically, all *Cronobacter* spp., as well as *Klebsiella* spp. and *A. baumannii* strains exhibited high levels of AMR to β -lactam antibiotics, including carbapenems as a priority class, and possessed multidrug resistance to 2–13 antibiotics. Analysis of the genetic potential for AMR to β -lactam antibiotics in *Cronobacter* and other thermoresistant bacteria from dry foods for infants revealed the presence for extended-spectrum β -lactamase (ESBL) genes in the opportunistic pathogens *Klebsiella pneumoniae* and *Acinetobacter baumannii*, which are classified as the ESKAPE group.

Limitations. The mechanisms underlying genetic potential for resistance that confirm the transmissible nature of AMR have not been investigated.

Conclusion. When monitoring *Cronobacter* spp. in dry foods for infants, it is advisable to identify co-occurring thermoresistant Gram-negative bacteria. If representatives of the ESKAPE group are detected among them, it is important to study their AMR to clinically significant antimicrobial drugs and their virulence factors. The data obtained will be useful for future recommendations on the safety control of ingredients and the effectiveness of production modes for dry foods for infants and cereals against thermoresistant non-spore-forming bacteria to reduce the risk of contamination with pathogens.

Keywords: *Cronobacter sakazakii*; infant dry foods; antimicrobial resistance; carbapenemases; β -lactamases; ESBL; Enterobacteriaceae spp.

Compliance with ethical standards. The study did not require approval from the biomedical ethics committee.

For citation: Smotrina Yu.V., Markova Yu.M., Stetsenko V.V., Polyana A.S., Bykova I.B., Efimochkina N.R., Sheveleva S.A. *Cronobacter sakazakii* and related enterobacteria from dry baby food: a profile of antibiotic resistance. *Gigiena i Sanitariya / Hygiene and Sanitation, Russian journal*. 2026; 105(6): 645–653. <https://doi.org/10.47470/0016-9900-2026-105-6-645-653> <https://elibrary.ru/noyshu> (In Russ.)

For correspondence: Yulia V. Smotrina, e-mail: yukorotkevich@gmail.com

Contributions: Smotrina Yu.V. – data collection and processing, writing and editing; Markova Yu.M., Stetsenko V.V., Bykova I.B., Polyana A.S., – data collection and processing; Sheveleva S.A., Efimochkina N.R. – conceptualization, study design, editing. All authors are responsible for the integrity of all parts of the manuscript and approval of the manuscript final version.

Conflict of interest. The authors declare no conflict of interest.

Funding. The study was supported by grant No. 23-16-00163 from the Russian Science Foundation, <https://rscf.ru/project/23-16-00163/>

Received: December 7, 2025 / Accepted: June 18, 2026 / Published: July 31, 2026

Введение

Cronobacter sakazakii — облигатно-патогенный микроорганизм, способный вызывать инфекционные болезни у детей грудного возраста (преимущественно недоношенных, с малой массой тела, ослабленных сопутствующими патологиями), приводить к сепсису, некротизирующему энтероколит (НЭК) и менингиту. Основной фактор передачи — сухие и восстановленные смеси для искусственного вскармливания, сухое молоко, контаминированное терморезистентными *Cronobacter* spp., которые могут сохранять жизнеспособность в сухом продукте до двух лет. Есть немногочисленные данные, свидетельствующие о загрязнённости детских смесей кронобактериями, которая составляет в мире 8% [1, 2].

Показатель заболеваемости НЭК среди недоношенных детей достигает 25%, а летальность среди заболевших новорождённых составляет 60%. Частота данных инфекций возрастает по мере распространения искусственного вскармливания. Увеличение числа детей, рождённых на сроках гестации от 22 нед (согласно данным ВОЗ), обуславливает рост значимости данной проблемы. Доза инфекции является экстремально низкой (менее 0,3 КОЕ/г продукта), колонизации возбудителем способствуют не полностью сформированные защитные барьеры кишечника (низкая кислотность

желудочного сока, сниженное таксономическое разнообразие кишечной микробиоты и др.), а также отсутствие защитных факторов грудного молока.

Недавние исследования показывают, что виды *C. malonicus*, *C. turicensis*, *C. universalis*, *C. dublinensis*, *C. muyjensis* и *C. condimenti* потенциально могут вызывать заболеваемость и опасные для жизни осложнения у младенцев и взрослых с ослабленным иммунитетом [3, 4].

Наряду с *Cronobacter* spp. в сухих продуктах для питания детей обнаруживают и другие энтеробактерии, способные сохранять жизнеспособность при обработке сырья высокими температурами (терморезистентные), некоторые из них относятся к оппортунистическим патогенам. Например, в исследовании [5] оценивалась контаминация на разных стадиях производства. Показано наличие в сухом молоке таких энтеробактерий, как *Enterobacter cloacae*, *Klebsiella pneumoniae*, *Escherichia coli*, а также *Acinetobacter baumannii*. Причём некоторые из них изначально были обнаружены в сырье, что, вероятно, свидетельствует о перекрёстной контаминации сухого продукта из производственной зоны или от персонала.

Поскольку все указанные бактерии способны сохраняться при сушке, есть вероятность наличия у них и других факторов устойчивости, например, антимикробной резистентности (AMP). Однако сведения об этом пока не получены.

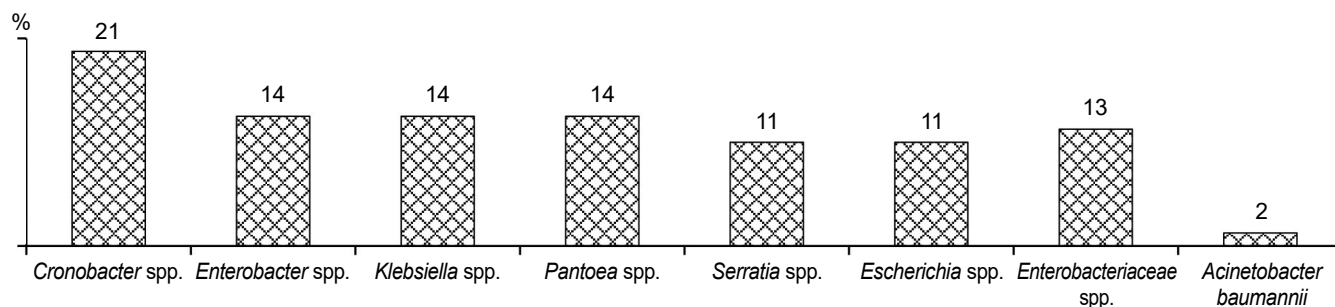


Рис. 1. Родовой состав пула энтеробактерий, выделенных из сухих продуктов для детского питания в 2023–2025 гг.

Fig. 1. Genus composition of Enterobacteriaceae pool isolated from dry foods for infants over 2023–2025.

Кроме того, в настоящее время недостаточно данных о контаминации *Cronobacter* spp. и другими терморезистентными бактериями инстантных каш и последующих специализированных смесей в качестве факторов передачи инфекции детям старше 6 мес.

Цель исследования — оценка профиля АМП, в том числе к клинически значимым антимикробным препаратам (АМП), у бактерий *C. sakazakii* и сопутствующих им энтеробактерий, изолированных из циркулирующих на рынке Российской Федерации сухих продуктов для питания детей раннего возраста.

Материалы и методы

Образцы продуктов. Исследовали 177 образцов продуктов для питания детей. Продукты были приобретены в торговой сети Московского региона за период 2022–2025 гг. Распределение образцов: сухие молочные смеси (СМС) начальные ($n = 37$) и последующие ($n = 21$), каши молочные инстантные ($n = 61$) и безмолочные инстантные ($n = 14$), компоненты, входящие в состав детского питания, молочные ($n = 16$) и немолочные ($n = 22$), каши для варки ($n = 6$).

Изоляты. Штаммы выделены методом бакпосева с двухстадийным обогащением: навески (3 по 100 г) вносили в предварительно доведённую до температуры плюс 37 °C забуференную пептонную воду (3 колбы по 900 мл) и инкубировали при температуре плюс 37 °C в течение 24 ч, затем пересевали в селективный питательный бульон с ванкомицином (mLST) и инкубировали 24 ч при температуре плюс 44 °C, после высевали на хромогенный агар для выявления *Cronobacter* spp. Для биохимической идентификации изолятов использовали тест-системы API 20E*. Принадлежность к виду *Cronobacter* осуществляли методом ПЦР в реальном времени с праймерами, специфичными к роду *Cronobacter*, видам *C. sakazakii*, *C. malonaticus*, *C. muytjensii*. Всего изучено 65 штаммов: *C. sakazakii* — 11, *C. malonaticus* — 3, *C. muytjensii* — 1, бактерии родов *Enterobacter* — 9, *Klebsiella* — 10, *Escherichia* — 7, *Serratia* — 6, *Pantoea* — 9, *Enterobacteriaceae* с неустановленной принадлежностью — 8, а также *Acinetobacter baumannii* — 1 [6].

Изучение фенотипа АМП к клинически значимым АМП (пенициллины, монобактамы, фторхинолоны, аминогликозиды, тетрациклины, амфениколы, полипептиды циклические, нитрофураны и макролиды, в том числе высокоприоритетные, критически важные АМП — цефалоспорины, карбапенемы) проводили диско-диффузионным методом (ДДМ) [7].

Для характеристики фенотипа АМП дополнительно рассчитывали индекс множественной резистентности (MAR) по формуле (1):

$$MAR = a / b, \quad (1)$$

где a — количество АМП, к которым изолят проявил устойчивость в тесте ДДМ; b — общее количество протестированных АМП [8].

* ГОСТ ISO 22964–2024 Микробиология пищевой цепи. Горизонтальный метод обнаружения *Cronobacter* spp.

Для оценки степени устойчивости к АМП *Cronobacter* spp., *Klebsiella* spp., *A. baumannii* использовали метод минимальных ингибирующих концентраций (МИК) [7]. В качестве контроля использовали *E. coli* ATCC 25922.

Изучение АМП в отношении генов, кодирующих БЛРС, — бета-лактамазы расширенного спектра действия (*tem*, *shv*, *ces*, *kpc*, *ctx*), карбапенемазы (*ges*, *kpc*, *oxa*) и металло-бета-лактамазы (*imp*, *vim*) проводили методом ПЦР с использованием набора БакРезиста GLA. Исследование гена семейства RND, кодирующего эффлюкс АМП из клетки и множественную резистентность *adeF*, производили с помощью ПЦР в реальном времени с предварительно подобранными специфичными праймерами, с последующим подтверждением в гель-электрофорезе. В качестве контроля использовали музейный штамм лаборатории биобезопасности и микробиома *Cronobacter sakazakii*.

Статистическая обработка результатов. Для статистического анализа использовали программное обеспечение IBM SPSS Statistics (версия 23) и Microsoft Excel. Статистическую обработку по трём повторностям проводили с расчётом медианы (Me), среднего арифметического (M_{cp}) и стандартного отклонения от среднего (m).

Результаты

Среди исследуемых образцов продуктов для питания детей, в том числе компонентов для их производства, 8,5% были контаминированы бактериями *C. sakazakii* в 11 образцах, *C. malonaticus* — в трёх образцах, *C. muytjensii* — в одном образце (15 штаммов из 177 образцов). Одновременно 38,4% изучаемых образцов были контаминированы и другими бактериями семейства *Enterobacteriaceae*, а также рода *Acinetobacter*. Родовой состав идентифицированных энтеробактерий, в том числе *Cronobacter sakazakii*, представлен на рис. 1. Среди выделенных штаммов преобладали *Cronobacter* spp. (21%), другие представители *Enterobacteriaceae* spp. присутствовали с частотой 11–14%. Наряду с ними был обнаружен штамм *Acinetobacter baumannii* в образце инстантной молочной каши для питания детей с четырёх месяцев.

Скрининг антимикробной резистентности в тесте ДДМ среди штаммов энтеробактерий выявил наиболее высокий уровень резистентности у *Cronobacter* spp. и *Klebsiella* spp., частота встречаемости устойчивых изолятов которых достигала 70–100% (рис. 2).

Среди штаммов *C. sakazakii* в тесте ДДМ была обнаружена высокая частота АМП к группе бета-лактамов АМП первого поколения (к ампициллину — 46%, ампициллин-сульбактаму — 73%, амоксициллину — 5%), а также к клинически значимым цефалоспорином III–IV поколений (цефепиму — 50%, цефотаксиму — 27%, цефокситину — 68%, цефтриаксону — 23%), монобактаму азтреонаму — 9%. Наряду с устойчивостью к бета-лактамам в тесте ДДМ проявилась устойчивость к фторхинолонам, ципрофлоксацину (9%), норфлоксацину (50%) и моксифлоксацину (32%); аминогликозидам (амикацину — 36%, гентамицину — 27%, канамицину — 4%), а также доксициклину (32%) и азитро-

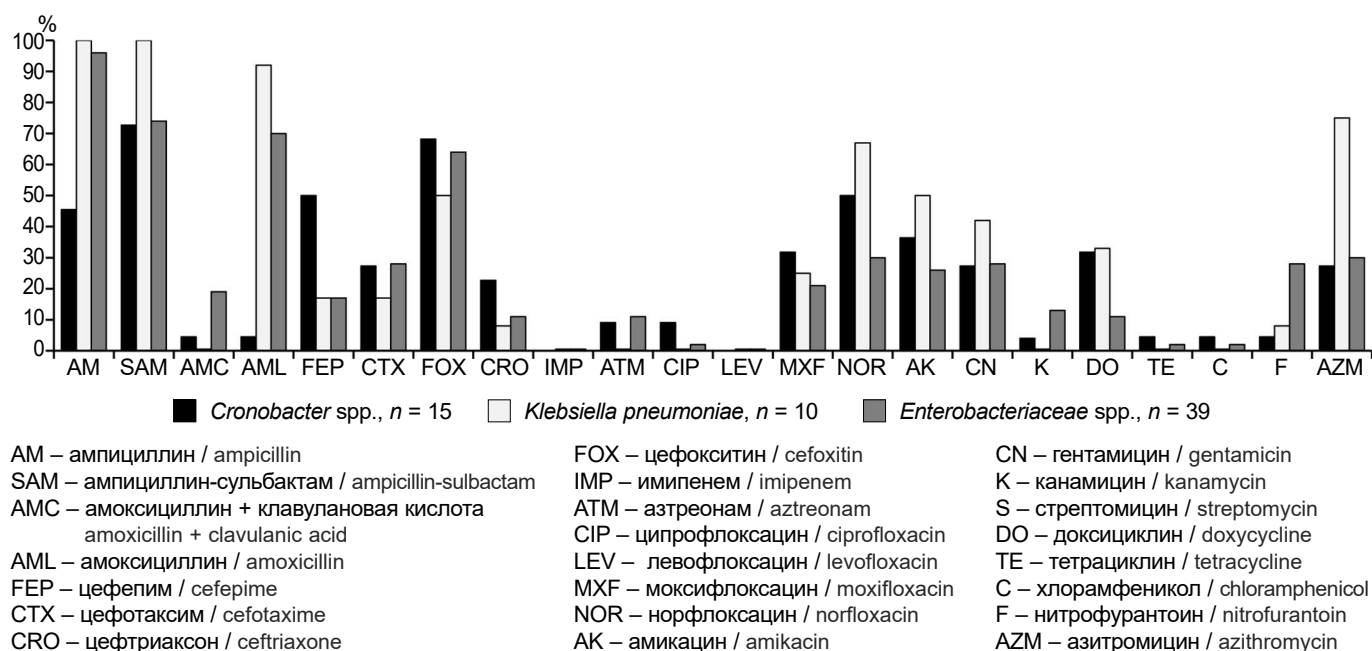


Рис. 2. Частота встречаемости нечувствительных к АМП штаммов *C. sakazakii* и сопутствующей микрофлоры (% к числу исследованных штаммов) в диско-диффузионном анализе к бета-лактамам и остальным АМП.

Fig. 2. Frequency of occurrence of AMP-insensitive strains of *C. sakazakii* and co-isolated bacteria (% of the number of studied strains) in disco diffusion method (for β -lactams and the rest of the AMP).

мицину (27%), нитрофурантоину (4,5%) и хлорамфениколу (4,5%).

У других представителей *Enterobacteriaceae* spp., а именно *Klebsiella* spp., наблюдалась резистентность всех изолятов к ампициллину (100%), амоксициллину (100%), цефокситину (50%), цефепиму и цефотаксиму (17%), цефтриаксону (8%), азитромицину (75%). Также проявлялась устойчивость к фторхинолонам: моксифлоксацину (25% изолятов) и норфлоксацину (67%); аминогликозидам амикацину (50%), гентамицину (42%); доксициклину (33%), нитрофурантоину (8%). При этом все они были чувствительны к азтреонаму, канамицину, колистину, левофлоксацину, стрептомицину, тетрациклину, хлорамфениколу, а также к АМП приоритетной значимости имипенему.

У *Enterobacter cloacae*, выделенных из растительных компонентов и каш инстантных, отмечена наибольшая частота резистентности к цефалоспорины III–IV поколений: цефотаксиму (42% резистентных штаммов), цефтриаксону (8%), у *Pantoea* spp. – 30 и 20% соответственно.

Среди *Serratia* spp. один штамм был устойчивым к цефалоспорины III–IV поколений.

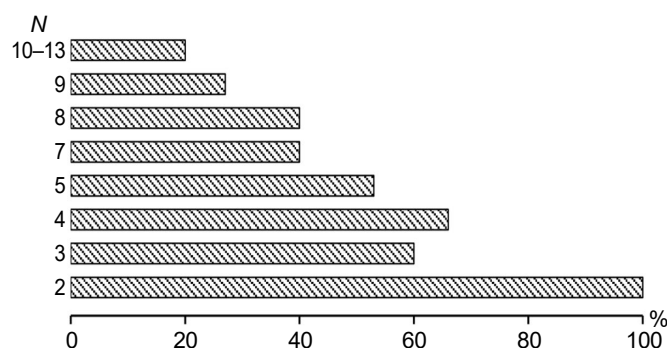


Рис. 3. Множественная устойчивость *Cronobacter* spp. из сухих продуктов для грудных детей в фенотипе (N – количество антибиотиков).

Fig. 3. Multiple resistance of *Cronobacter* spp. isolated from dry foods for infants in the phenotype (N is the number of antibiotics).

Все изоляты *Cronobacter* spp. показали сочетанную устойчивость к двум антибиотикам, а 3 из 15 штаммов (20%) – мультирезистентность к 7 фармгруппам антибиотиков (к 10–13 АМП) (рис. 3). Эти штаммы были выделены из каши молочной инстантной для питания детей с четырёх месяцев, из адаптированной молочной смеси и молочного компонента.

Важно отметить встречаемость среди бактерий рода *Klebsiella*, которые были устойчивы одновременно к 5–9 АМП (к 3–6 классам антибиотиков). Такую же способность проявлял единственный выделенный штамм *A. baumannii*.

На рис. 4 отражены показатели АМП у грамотрицательных бактерий, контаминирующих сухие продукты для питания грудных детей, выраженные в виде индекса MAR (мультирезистентности). Самым высоким оказался MAR у штамма *A. baumannii* – 0,43, далее по убыванию у *Enterobacter* spp. – 0,35, *K. pneumoniae* – 0,28, *Pantoea* spp. – 0,27, *Cronobacter sakazakii* и *Cronobacter malonaticus* – 0,26, *Escherichia* spp. – 0,25. Значения индекса выше 0,2 указывают на высокий уровень резистентности почти у всех исследуемых штаммов и характеризуют штаммы как мультирезистентные.

Таким образом, скрининг позволил выявить высокую частоту нечувствительности кронобактеров и сопутствующих им терморезистентных бактерий к наиболее востребованным в клинике АМП бета-лактамового ряда, фторхинолонам, аминогликозидам, а также наличие мультирезистентных штаммов.

Далее для оценки степени резистентности у *C. sakazakii* и представителей оппортунистических патогенов *Klebsiella* spp. и *Acinetobacter baumannii* были установлены значения МИК (табл. 1). В целом средние значения (M_{cp}) МИК также были выше к антибиотикам бета-лактамового ряда (см. табл. 1).

Далее по тексту описаны M_{cp} среди штаммов, проявлявших резистентность: все штаммы *C. sakazakii* были устойчивы к пенициллину (МИК более 256 мг/л), цефалоспорины I–II поколений (цефазолину – 16 мг/л, цефуроксиму – 26 мг/л). До 25% исследуемых штаммов были устойчивы к ампициллину, M_{cp} МИК = 60 мг/л, два штамма *C. sakazakii* отнесены к резистентным к ампициллин-сульбактаму (M_{cp} МИК = 24/12 мг/л). Устойчивость к цефта-

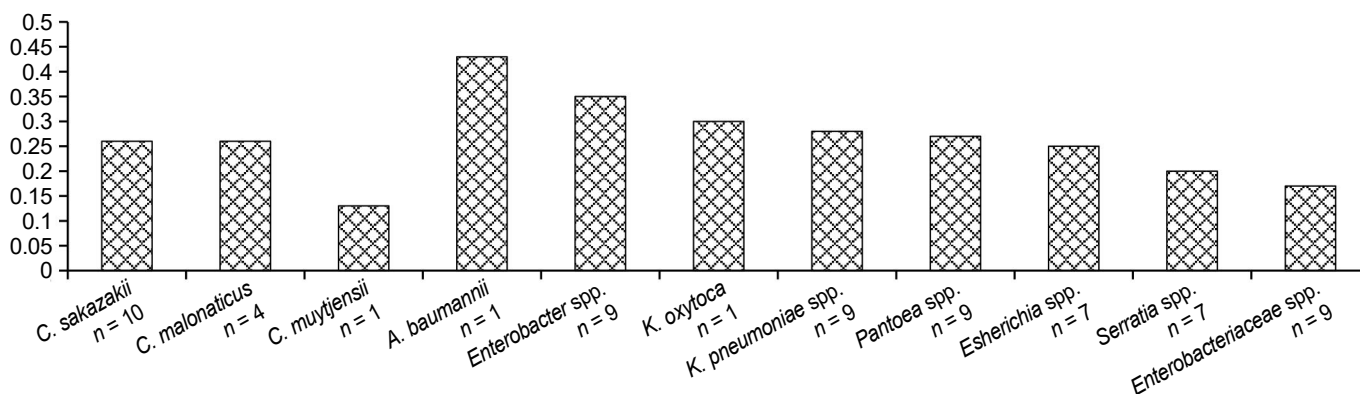


Рис. 4. Индекс MAR терморезистентных грамотрицательных бактерий разных видов, выделенных из сухих продуктов для детского питания и компонентов для их производства.

Fig. 4. MAR index of thermoresistant gram-negative bacteria of various species isolated from dry foods for infants and ingredients for their production.

зидиму и цефотаксиму (цефалоспорином III поколения) обнаружена у 1/3 штаммов, M_{cp} значения МИК для них составляли 5,6–8 мг/л; устойчивость к цефепиму выявлена у двух штаммов (M_{cp} МИК = 10 мг/л). К монобактаму азтреонаму 42% устойчивых штаммов, M_{cp} для них – 10,3 мг/л. Два штамма *C. sakazakii* отнесены к резистентным АМП последнего резерва карбапенемам (значения их МИК к эртапенему составляло 1 и 2 мг/л). Один штамм, выделенный из каши безмолочной для варки, был устойчив к тигециклину, МИК которого составлял 1 мг/л. Штаммы были чувствительны к пиперациллину (3 мг/л), пиперациллину + тазобактаму, цефоперазону, меропенему, амикацину, ципрофлоксацину, триметоприму + сульфаметоксазолу.

Уровни АМП *C. sakazakii* к колистину у трёх штаммов превышали значения МИК, M_{cp} для этой доли резистентных составляло 17 мг/л. M_{cp} МИК хлорамфеникола среди всех изучаемых кронобактеров составляло 11,77 мг/л, а среди выявленных четырёх резистентных штаммов M_{cp} МИК – 24 мг/л. Резистентными к азтреонаму оказались семь штаммов, значение M_{cp} которых составляло 10,3 мг/л, к тетрациклину – два штамма (8 мг/л).

Среди *Klebsiella* spp. в тесте МИК наблюдалась высокая резистентность к ампициллину (64–128 мг/л), что превышает уровень АМП у *C. sakazakii* в 10 раз. К ампициллину + сульбактаму – в два раза, пиперациллину в четыре раза. Один штамм *Klebsiella pneumoniae*, выделенный из сухого молока, имел устойчивость к АМП пенициллинового ряда, цефалоспорином I и II поколений и полипептиду циклическому. Карбапенем-резистентные клебсиеллы не обнаружены.

Установлен широкий спектр АМП у оппортунистического штамма *A. baumannii*, выделенного из instantной молочной каши для питания детей с 4 мес, который проявлял устойчивость к семи группам АМП при скрининге в тесте ДДМ, а в тесте МИК – к шести. Значения МИК для него превышали полученные для целевого патогена *C. sakazakii*: для ампициллина, цефуроксима и нетилмицина – в два раза; пиперациллина, ципрофлоксацина и хлорамфеникола – в четыре раза; азтреонама – в восемь раз. Штамм был устойчив к эртапенему из группы карбапенемов (1 мг/л).

Поскольку у большинства исследуемых штаммов наблюдали АМП к бета-лактамам АМП, исследование было продолжено для оценки встречаемости в их геноме детерминант, кодирующих факторы устойчивости к современным полусинтетическим пенициллинам и пенемам, – бета-лактамаз расширенного спектра, карбапенемаз и металло-бета-лактамаз (табл. 2). В результате некоторые гены против этих приоритетных АМП обнаружили не у *C. sakazakii*, а у оппортунистических штаммов *K. pneumoniae* (изолированы из сухих молочных смесей для детей с рождения, каш instantных и для варки, компонентов для их производ-

ства) и *Acinetobacter baumannii* (выделен из instantной каши для детей с четырёх месяцев).

Так, в ДНК шести штаммов клебсиелл (60% исследуемых изолятов) присутствовал ген *shv*, кодирующий бета-лактамазы расширенного спектра действия, обеспечивающий АМП к большинству пенициллинов и цефалоспоринов, а также часто обладающий ассоциированной резистентностью к АМП других классов. Один изолят из instantной каши для питания детей с четырёх месяцев наряду с *shv* содержал ген, кодирующий резистентность к карбапенемам, – *oxa-40-like*. У штамма *A. baumannii* обнаружен ген резистентности к АМП приоритетного класса карбапенемов – *oxa-51-like*.

Других генов БЛРС (*tem*, *ces*, *kpc*, *ctx*), карбапенемаз (*ges*, *kpc*) и металло-бета-лактамаз (ферменты, разрушающие практически все бета-лактамы антибиотики) в ДНК всех выделенных из детских сухих продуктов штаммов кронобактеров, клебсиелл и ацинетобактерий не обнаружено.

Наряду с генами резистентности к бета-лактамам АМП в ДНК шести штаммов *C. sakazakii*, *Klebsiella* spp. и *Enterobacteriaceae* spp. присутствовал трансмиссивный ген *adeF*, кодирующий выкачивание антибиотиков и других ксенобиотиков из клеток через помпы и обеспечивающий бактериям множественную устойчивость.

Таким образом, нами показана распространённость штаммов АМП в сухих продуктах для питания грудных детей, которая связана в значительной степени с наиболее значимыми АМП бета-лактаманного ряда, в том числе последнего поколения. На данном этапе исследование антимикробной резистентности, выделенных штаммов в отношении наличия мобильных генных элементов с генами множественной АМП необходимо продолжить.

Обсуждение

В исследованных сухих продуктах для детского питания наряду с целевыми патогенами рода *Cronobacter*, устойчивыми к низким показателям массовой доли влаги и повышению температуры при сушке, обнаружены и другие виды энтеробактерий. В их числе идентифицированы представители родов *Enterobacter*, *Klebsiella*, *Escherichia*, *Serratia*, *Pantoea*, а также неферментирующих грамотрицательных ацинетобактерий *A. baumannii*. Ранее нами были отмечены наличие среди *E. coli* и *Enterobacter* spp. штаммов, способных при определённых условиях становиться источником распространения терморезистентных клонов, и возможность концентрации *Enterobacter* spp. под воздействием технологии в заменителях грудного молока и кашах сухих. Также была обоснована необходимость углублённого изучения биологических свойств и факторов патогенности этих контаминантов [9].

Таблица 1 / Table 1

Результаты оценки МИК антимикробных препаратов у терморезистентных грамотрицательных бактерий, выделенных из сухих продуктов для детского питания

Results of evaluation of MIC of antimicrobial drugs in thermoresistant gram-negative bacteria isolated from dry foods for infants

Группа АМП AMP group	Антибиотик Antibiotic	<i>C. sakazakii</i> , n = 17			<i>Klebsiella</i> spp., n = 10			<i>Acinetobacter baumannii</i> **, n = 1	
		число штаммов > МИК* number of strains* MIC	Me, мг/л mg/L	M ± m, мг/л mg/L	число штаммов > МИК* number of strains* MIC	Me, мг/л mg/L	M ± m, мг/л mg/L	число штаммов > МИК* number of strains* MIC	мг/л mg/L
Пенициллины Penicillins	Пенициллин Penicillin	17	>256	256 ± 0	10	>256	256 ± 0	1	>256
	Ампициллин Ampicillin	4	8	13 ± 3.25	4	64	81.0 ± 28.6	1	16
	Ампициллин и Сульбактам Ampicillin & Sulbactam	2	4	7.29 ± 1.82	3	8	10.5 ± 3.70	0	2
		2	2	3.65 ± 0.91	3	4	5.30 ± 1.90	0	1
	Пиперациллин Piperacillin	0	2	2.66 ± 0.66	0	8	8.00 ± 5.65	0	8
	Пиперациллин и Тазобактам Piperacillin & Tazobactam	0	2	1.94 ± 0.49	0	1	1.00 ± 0.70	0	4
		0	4	4.00 ± 1.00	0	4	4.00 ± 2.83	0	4
Цефалоспорины Cephalosporins	Цефазолин Cefazolin	17	16	15.53 ± 3.88	4	6	8.00 ± 2.80	1	16
	Цефутоксим Cefuroxime	17	32	26.35 ± 6.58	3	6	9.00 ± 3.20	1	32
	Цефотаксим Cefotaxime	5	0.25	2.57 ± 0.64	0	0.06	0.06 ± 0.04	1	8
	Цефтазидим Ceftazidime	5	1	2.20 ± 0.55	0	0.5	0.05 ± 0.35	1	8
	Цефоперазон Cefoperazone	0	1	2.32 ± 0.58	0	0.75	0.75 ± 0.53	0	16
	Цефепим Cefepime	2	0.12	1.46 ± 0.37	0	0.12	0.12 ± 0.53	0	1
Монобактам Monobactam	Азтреонам Aztreonam	7	0.12	4.55 ± 1.14	0	0.12	0.25 ± 0.08	1	16
Карбапенемы Carbapenems	Эртапенем Ertapenem	2	0.12	0.12 ± 0.03	0	0.015	0.02 ± 0.01	1	1
	Меропенем Meropenem	0	0.12	0.18 ± 0.05	0	0.015	0.02 ± 0.08	0	0.25
Аминогликозиды Aminoglycosides	Гентамицин Gentamicin	1	1	1.23 ± 0.31	0	1	1.86 ± 0.30	1	8
	Амикацин Amikacin	0	0.5	0.85 ± 0.21	0	0.75	0.75 ± 0.27	0	2
	Нетилмицин Netilmicin	1	0.5	1.59 ± 0.40	0	0.5	0.50 ± 0.35	1	8
	Тобрамицин Tobramycin	4	0.5	1.51 ± 0.37	0	0.25	0.25 ± 0.18	0	1
Полипептид циклический Cyclic peptide	Колистин Colistin	3	1	3.74 ± 0.93	1	0.5	1.75 ± 0.62	0	1
Фторхинолон Fluoroquinolone	Ципрофлоксацин Ciprofloxacin	0	0.12	0.12 ± 0.03	0	0.12	0.16 ± 0.06	0	0.25
Сульфаниламиды и триметоприм Sulfonamides and trimethoprim	Триметоприм и Сульфаметоксазол Trimethoprim & Sulfamethoxazole	0	0.25	0.34 ± 0.09	0	0.12	0.24 ± 0.08	0	0.25
		0	4.75	6.56 ± 1.64	0	2.38	4.60 ± 1.63	0	4.75
Амфеникол Amphenicol	Хлорамфеникол Chloramphenicol	4	8	11.77 ± 2.94	0	8	6.25 ± 2.09	1	>32
Тетрациклины Tetracyclines	Тетрациклин Tetracycline	2	4	3.88 ± 0.97	0	2	2.85 ± 1.01	0	4
	Тигециклин Tigecycline	1	0.5	0.45 ± 0.11	0	0	0.25 ± 0.01	0	0.25

Примечание. * – МИК для штаммов *Enterobacteriales* [7]; ** – при отсутствии значений МИК использовалась оценка как для штаммов *Enterobacteriales*.

Note: * – MIC for *Enterobacteriales* strains [7]; ** – if MIC values were not available, the same estimate was used as for *Enterobacteriales* strains.

Таблица 2 / Table 2

Результаты исследования ДНК штаммов *C. sakazakii* и сопутствующей микрофлоры из сухих продуктов для детского питания и их компонентов на наличие генов AMP

The results of study of DNA *C. sakazakii* strains and co-occurring microflora from dry foods for infants and their components for the presence of AMR genes

Штамм Strain	Источники выделения Sources of allocation	Число контamинированных образцов Number of contaminated samples	В том числе с генами резистентности, кодирующими Including resistance genes encoding			
			БЛРС ESBL	карбапенемазы carbapenemases		множественный эффлюкс multiple efflux
			<i>shv</i>	<i>oxa-40-like</i>	<i>oxa-51-like</i>	<i>adeF</i>
<i>C. sakazakii</i>	Сухие молочные смеси Powdered dairy products for babies	2	н/о	н/о	н/о	н/о
	Каша instantная Instant porridge	4	н/о	н/о	н/о	1
	Каша для варки Porridge for boiling	4	н/о	н/о	н/о	1
	Компонент молочный Milk component	2	н/о	н/о	н/о	н/о
	Компонент растительный The vegetal component	4	н/о	н/о	н/о	н/о
<i>Klebsiella</i> spp.	Сухие молочные смеси Powdered dairy products for babies	4	2	н/о	н/о	1
	Каша instantная Instant porridge	2	1	1	н/о	н/о
	Компонент растительный The vegetal component	2	1	н/о	н/о	1
	Молоко сухое Milk powder	1	1	н/о	н/о	н/о
	Каша для варки Porridge for boiling	1	1	н/о	н/о	н/о
<i>Enterobacteriaceae</i> spp.	Сухие молочные смеси Powdered dairy products for babies	4	н/о	н/о	н/о	н/о
	Компонент молочный Milk component	1	н/о	н/о	н/о	н/о
	Компонент растительный The vegetal component	21	н/о	н/о	н/о	1
	Каша instantная Instant porridge	5	н/о	н/о	н/о	1
	Каша для варки Porridge for boiling	8	1	н/о	н/о	н/о
<i>A. baumannii</i>	Каша instantная Instant porridge	1	н/о	н/о	1	н/о

Примечание. н/о – не обнаружены.
Note: н/о – not detected.

Проведённый в настоящей работе анализ профиля AMP у штаммов терморезистентных энтеробактерий подтвердил важность данного направления исследований, поскольку высокая частота обладающих AMP изолятов наряду с *Cronobacter* spp. была нами установлена и у *Enterobacter*, и у *Klebsiella* spp., и у других бактерий, переживших технологические стрессы в продукте.

Так, у *C. sakazakii* в фенотипе регистрировалась практически тотальная AMP к бета-лактамам антибиотикам первых поколений (пенициллин, ампициллин) и высокая (до 50%) – к современным цефалоспорином (цефепим, цефотаксим), а у отдельных штаммов – также к препаратам последнего резерва (карбапенемам, тигециклину). При этом у клебсиелл при оценке МИК наблюдался более высокий уровень AMP к препаратам этой группы, чем у *Cronobacter* spp. (в 2–8 раз), а среди *Enterobacter* и *Serratia* spp. обнаружены устойчивые к цефалоспорином III–IV поколений изоляты. Стоит заметить, что отношение к бактериям рода *Serratia* как сапрофитным энтеробактериям меняется из-за новых сведений об их роли в патологии. Например, в 2022 г. зафиксировано, что устойчивые к цефалоспорином *S. marcescens* стали причиной смертности 7,7% госпитализированных в ОРИТ новорождённых в Эфиопии [10].

Особенно важно, что изоляты всех изученных таксонов показали наличие той или иной частоты множественной AMP (с наибольшим индексом MAR у *A. baumannii*).

Оценка генного потенциала AMP в отношении клинически значимых бета-лактамов показала: гены БЛРС у резистентных *Cronobacter* spp. не обнаруживались (хотя это не исключает наличия иных детерминант пенициллино-резистентности), но были выявлены у оппортунистических патогенов *K. pneumoniae* и *A. baumannii*. Причём у последнего чётко совпала устойчивость к эртапенему в фенотипе (МИК > 1 мг/л) с присутствием гена карбапенемазы *oxa-51-like*. Кроме того, в каждом из исследованных таксонов были носители гена *adeF*, кодирующего эффлюкс чужеродных веществ из клетки и обеспечивающего множественную AMP к тетрацикламам, хлорамфениколу, фторхинолонам, триметоприму, а также к биоцидам, красителям и анионным детергентам [11]. В совокупности эти находки указывают на циркуляцию в продуктах детского питания и компонентах для их производства трансмиссивных генов AMP, способных к активизации при воздействии технологических стрессов. И весьма показательно, что *K. pneumoniae* относят к возбудителям инфекций, связанных с оказанием медицинской помощи (ИСМП), а *A. baumannii*, устойчивые к карбапенемам, возглавляют Список приоритетных бактериальных патогенов ВОЗ на 2024 г. [12].

Важно отметить, что *Klebsiella* spp., *A. baumannii* и *Enterobacter* spp. (штаммы данного рода показали наибольшую частоту AMP к цефалоспорином III–IV поколений в данном исследовании) являются представителями

группы оппортунистических патогенов ESKAPE, которые ответственны за большинство ИСМП и рассматриваются как взаимосвязанная глобальная угроза и требующая действий проблема в рамках концепции «Единое здоровье» для предупреждения распространения опасной АМР в пищевой цепи [13].

Таким образом, наши результаты ожидаемо подтверждают серьёзный потенциал кронобактеров как возбудителей жизнеугрожающих для младенцев инфекций и заостряют внимание на реальной возможности попадания в продукцию для детского питания сразу нескольких ESKAPE-патогенов (*Klebsiella pneumoniae*, *Acinetobacter baumannii*, *Enterobacter* spp.), являющихся носителями АМР к наиболее значимым антибиотикам.

В отечественной литературе нет публикаций о сочетанной загрязнённости подобных продуктов кронобактерами и агентами ИСМП, возможно, в силу низкого удельного веса проб детского питания, не соответствующих установленным микробиологическим нормативам в целом. Тем не менее это должно учитываться специалистами, как и тот момент, что такие агенты могут обуславливать тяжёлые внекишечные патологии, которые не связывают с контаминированным детским питанием.

Зарубежные авторы в значительной степени сосредоточены на детальном изучении АМР самих кронобактеров [14, 15]. Так, авторы [15] при оценке фенотипа АМР и скрининге генов АМР и вирулентности путём секвенирования ДНК *C. sakazakii*, выделенных из пищевых продуктов и мест производства сухого молока, показали, что 9 из 15 изученных штаммов относились к менингитному патовару ST4. Устойчивы к цефалотину были 14 штаммов (93%), к ампицилину — 5 (33%), что согласуется с нашими данными. Обнаружены 20 генов, участвующих в эффлюксе антибиотиков, и 99 генов, кодирующих вирулентность, в том числе биоплёнкообразование (*OmpA*), сидерофоры и белки стрес-

са; плазмиды *IncFIB* (*pCTU3*) и мобильные генные элементы *ISEa1*, *ISEc52*, *ISEhe3*. Авторы заключают, что потенциал проанализированных изолятов обеспечивает им как повышение возможности инфицирования восприимчивых лиц, так и персистенцию в условиях производства сухого молока.

С учётом способности к горизонтальному переносу генов АМР между энтеробактериями (при наличии у них мобильных генов АМР и интеграз) в различных объектах окружающей среды, что показано в работах экологов [16–18], совместную циркуляцию кронобактеров и других энтеробактерий с потенциалом ИСМП в сухих продуктах для детского питания можно признать новым фактором риска для безопасности пищи, который требует разработки актуальных профилактических подходов.

Заключение

При контроле *Cronobacter* spp. в сухих продуктах для грудных детей целесообразно идентифицировать сопутствующие терморезистентные грамотрицательные бактерии, способные расти на средах для выявления целевых патогенов. При обнаружении среди этих микроорганизмов представителей оппортунистических видов, фигурирующих среди агентов группы ESKAPE, важно изучать наличие у них факторов вирулентности и АМР к клинически значимым АМП для накопления информации о патогенном потенциале данных микробных загрязнителей.

Полученные данные лягут в основу будущих рекомендаций по контролю качества компонентов и эффективности режимов производства сухих молочных смесей и продуктов прикорма в отношении терморезистентных энтеробактерий, у которых устойчивость к технологическим стрессам связана также с устойчивостью к антибиотикам, для снижения рисков попадания болезнетворных патогенов в организм уязвимых категорий населения.

Литература

(п.п. 1–5, 8, 10–12, 14–18 см. References)

- Маркова Ю.М., Шевелева С.А., Ефимочкина Н.Р., Смотровина Ю.В., Полянина А.С., Стеценко В.В. и др. Изучение молекулярно-биологических характеристик бактерий рода *Cronobacter*, выделенных из сухих детских пищевых продуктов. *Бюллетень экспериментальной биологии и медицины*. 2025; 179(1): 63–7. <https://doi.org/10.47056/0365-9615-2025-179-1-63-67> <https://elibrary.ru/urbbhq>
- Российские рекомендации «Определение чувствительности микроорганизмов к антимикробным препаратам». Версия 2025–01. Смоленск; 2025.
- Шевелева С.А. Анализ микробиологического риска как основа для совершенствования системы оценки безопасности и контроля пищевых продуктов: Автореф. дисс. ... д-ра мед. наук. М.; 2007. <https://elibrary.ru/qedvtb>
- Бочарова Ю.А., Савинова Т.А., Чеботарь И.В. Хромосомные гены ESKAPE-патогенов, мутации в которых индуцируют антибиотикорезистентность. *Клиническая микробиология и антимикробная химиотерапия*. 2023; 25(2): 187–201. <https://doi.org/10.36488/cmasc.2023.2.187-201> <https://elibrary.ru/xpiorm>
- Ekundayo T.C., Ijabadeniyi O.A. Global and regional prevalence of *Cronobacter sakazakii* in powdered milk and flour. *Sci. Rep.* 2024; 14(1): 6865. <https://doi.org/10.1038/s41598-024-57586-x> <https://elibrary.ru/jopsli>
- Lu Y., Matthews K.R., Lyu J., Li C., Li T. Insights into the occurrence of *Enterobacteriaceae* and the spread of *Cronobacter sakazakii* in the infant formula manufacturing environment. *Food Biosci.* 2024; 61: 104635. <https://doi.org/10.1016/j.fbio.2024.104635> <https://elibrary.ru/lvmvix>
- Forsythe S.J. Updates on the *Cronobacter* genus. *Annu. Rev. Food Sci. Technol.* 2018; 9: 23–44. <https://doi.org/10.1146/annurev-food-030117-012246> <https://elibrary.ru/yiduoit>
- Jaradat Z.W., Al Mousa W., Elbetieha A., Al Nabulsi A., Tall B.D. *Cronobacter* spp. — opportunistic food-borne pathogens. A review of their virulence and environmental-adaptive traits. *J. Med. Microbiol.* 2014; 63(8): 1023–37. <https://doi.org/10.1099/jmm.0.073742-0> <https://elibrary.ru/urbbli>
- Lehner A., Fricker-Feer C., Gschwend K., Stephan R. Identification of *Enterobacteriaceae* and *Cronobacter* spp. in raw milk, milk concentrate and milk powder: prevalence and genotyping. *Arch. Lebensmittelhyg.* 2010; 61(1): 22–6. <https://doi.org/10.2376/0003-925X-61-22>
- Markova Yu.M., Sheveleva S.A., Efimochkina N.R., Smotrina Yu.V., Polyamina A.S., Stetsenko V.V., et al. Molecular and biological characteristics of the *Cronobacter* genus bacteria isolated from the dry infant food products. *Bulletin of Experimental Biology and Medicine*. 2025; 179(1): 50–3. <https://doi.org/10.1007/s10517-025-06440-9> <https://elibrary.ru/utixjr>
- Russian recommendations «Determination of the sensitivity of microorganisms to antimicrobial drugs». Version 2025–01. Smolensk; 2025. (in Russian)
- Krumpman P.H. Multiple antibiotic resistance indexing of *Escherichia coli* to identify high-risk sources, Fecal contamination, Foods. *Appl. Environ. Microbiol.* 1983; 46(1): 165–70. <https://doi.org/10.1128/aem.46.1.165-170.1983>
- Sheveleva S.A. *Microbiological risk analysis as a basis for improving the system of assessing safety and food control*: Diss. Moscow; 2007. <https://elibrary.ru/qedvtb> (in Russian)
- Zelalem Ayichew M., Derseh Gezie L., Gelagay A.A., Anmut Bitew D. Neonatal mortality and associated factors among neonates admitted to neonatal intensive care unit of Gandhi memorial hospital in Addis Ababa, Ethiopia, 2019. *BMC Pediatr.* 2022; 22(1): 266. <https://doi.org/10.1186/s12887-022-03339-6> <https://elibrary.ru/dirdee>
- BacMet Experimentally Confirmed database. Details of the source of prediction — adeF. Available at: http://bacmet.biomedicine.gu.se/advanced_BacMet_ALL_connect_to_EXP.pl?gene=adeF
- WHO. WHO bacterial priority pathogens list, 2024: bacterial pathogens of public health importance, to guide research, development, and strategies to prevent and control antimicrobial resistance; 2024. Available at: <https://who.int/publications/i/item/9789240093461>
- Bocharova Yu.A., Savinova T.A., Chebotar I.V. Antimicrobial resistance-associated mutations in chromosomal genes of ESKAPE-pathogens. *Klinicheskaya mikrobiologiya i antimirbnaya khimioterapiya*. 2023; 25(2): 187–201. <https://doi.org/10.36488/cmasc.2023.2.187-201> <https://elibrary.ru/xpiorm> (in Russian)
- Fei P., Jiang Y., Jiang Y., Yuan X., Yang T., Chen J., et al. Prevalence, molecular characterization, and antibiotic susceptibility of *Cronobacter sakazakii* isolates

Original article

- from powdered infant formula collected from Chinese retail markets. *Front. Microbiol.* 2017; 8: 2023. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.02026>
15. Holý O., Parra-Flores J., Bzdil J., Cabal-Rosel A., Daza-Prieto B., Cruz-Córdova A., et al. Screening of antibiotic and virulence genes from whole genome sequenced *Cronobacter sakazakii* isolated from food and milk-producing environments. *Antibiotics (Basel)*. 2023; 12(5): 851. <https://doi.org/10.3390/antibiotics12050851> <https://elibrary.ru/agjckz>
 16. Gameda M.T., Meka A.F., Mamo A.N., Bekele G.K., Ali J., Abas M.K. Diversity of antibiotic resistance genes and mobile genetic elements of Sof Umer Cave microbiomes, Ethiopia. *BMC Genom. Data*. 2025; 26(1): 41. <https://doi.org/10.1186/s12863-025-01334-1> <https://elibrary.ru/jhtrru>
 17. Zhao C., Sinkkonen A., Jumpponen A., Hui N. Urban soils immobilize harmful microbes and antibiotic resistance genes. *J. Hazard. Mater.* 2025; 488: 137419. <https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2025.137419> <https://elibrary.ru/wlosig>
 18. Dailova N., Galitskaya P., Selivanovskaya S. Veterinary antibiotic oxytetracycline's effect on the soil microbial community. *J. Ecology Environ.* 2020; 44(1): 10. <https://doi.org/10.1186/s41610-020-00154-x> <https://elibrary.ru/axoqeb>

Сведения об авторах

Смотрина Юлия Владимировна, мл. науч. сотр. лаб. биобезопасности и анализа нутримикробиома ФГБУН «ФИЦ питания и биотехнологии», 109240, Москва, Россия

Маркова Юлия Михайловна, канд. биол. наук, ст. науч. сотр. лаб. биобезопасности и анализа нутримикробиома ФГБУН «ФИЦ питания и биотехнологии», 109240, Москва, Россия. E-mail: yulia.markova.ion@gmail.com

Стеценко Валентина Валерьевна, науч. сотр. лаб. биобезопасности и анализа нутримикробиома ФГБУН «ФИЦ питания и биотехнологии», 109240, Москва, Россия

Полянина Анна Сергеевна, мл. науч. сотр. лаб. биобезопасности и анализа нутримикробиома ФГБУН «ФИЦ питания и биотехнологии», 109240, Москва, Россия

Быкова Ирина Борисовна, науч. сотр. лаб. биобезопасности и анализа нутримикробиома ФГБУН «ФИЦ питания и биотехнологии», 109240, Москва, Россия

Ефимочкина Наталья Рамазановна, доктор биол. наук, зам. директора по научной работе ФГБУН «ФИЦ питания и биотехнологии», 109240, Москва, Россия

Шевелёва Светлана Анатольевна, доктор мед. наук, зав. лаб. биобезопасности и анализа нутримикробиома ФГБУН «ФИЦ питания и биотехнологии», 109240, Москва, Россия. E-mail: sheveleva@ion.ru

About the authors

Yulia V. Smotrina, researcher, Laboratory of Biosafety and Nutrimicrobiome Analysis, Federal Research Centre of Nutrition, Biotechnology and Food Safety, Moscow, 109240, Russian Federation, <https://orcid.org/0000-0001-8842-0525>

Yulia M. Markova, senior researcher, Laboratory of biosafety and nutrimicrobiome analysis, Federal Research Centre of Nutrition, Biotechnology and Food Safety, Moscow, 109240, Russian Federation, <https://orcid.org/0000-0002-2631-6412> E-mail: yulia.markova.ion@gmail.com

Valentina V. Stetsenko, junior researcher, Laboratory of biosafety and nutrimicrobiome analysis, Federal Research Centre of Nutrition, Biotechnology and Food Safety, Moscow, 109240, Russian Federation, <https://orcid.org/0000-0001-6470-171X>

Anna S. Polyagina, researcher, Laboratory of biosafety and nutrimicrobiome analysis, Federal Research Centre of Nutrition, Biotechnology and Food Safety, Moscow, 109240, Russian Federation, <https://orcid.org/0000-0002-2766-7716>

Irina B. Bykova, junior researcher, Laboratory of biosafety and nutrimicrobiome analysis, Federal Research Centre of Nutrition, Biotechnology and Food Safety, Moscow, 109240, Russian Federation, <https://orcid.org/0000-0001-7288-312X>

Natalya R. Efimochkina, DSc (Biology), deputy director for scientific work, Federal Research Centre of Nutrition, Biotechnology and Food Safety, Moscow, 109240, Russian Federation, <https://orcid.org/0000-0002-9071-0326>

Svetlana A. Sheveleva, DSc (Medicine), head, Laboratory of biosafety and nutrimicrobiome analysis, Federal Research Centre of Nutrition, Biotechnology and Food Safety, Moscow, 109240, Russian Federation, <https://orcid.org/0000-0001-5647-9709> E-mail: sheveleva@ion.ru