

# Питание и здоровье Nutrition and Health

Научная статья  
УДК 616.34-008.87-053.2  
DOI: 10.14529/food220207

## СОВРЕМЕННЫЕ ПРЕДСТАВЛЕНИЯ О МИКРОБИОМЕ И ЕГО РОЛИ В РЕГУЛЯЦИИ ОБМЕННЫХ ПРОЦЕССОВ, СОХРАНЕНИИ ЗДОРОВЬЯ И РАБОТОСПОСОБНОСТИ

Д.Б. Никитюк<sup>1</sup>, В.М. Позняковский<sup>2,3\*</sup>, Е.М. Серба<sup>4</sup>,  
А.Н. Австриевских<sup>2,5</sup>, И.Ю. Потороко<sup>6</sup>

<sup>1</sup> Институт питания ФГБОУ науки «ФИЦ питания и биотехнологии», Москва, Россия

<sup>2</sup> Кузбасская государственная сельскохозяйственная академия, Кемерово, Россия

<sup>3</sup> Кемеровский государственный медицинский университет, Кемерово, Россия

<sup>4</sup> Всероссийский НИИ пищевой биотехнологии – филиал ФГБУН «ФИЦ питания и биотехнологии», Москва, Россия

<sup>5</sup> Компания «Арт Лайф», Томск, Россия

<sup>6</sup> Южно-Уральский государственный университет, Челябинск, Россия

\* [pvt1947@bk.ru](mailto:pvt1947@bk.ru)

**Аннотация.** Рассмотрены современные представления о роли микроорганизмов и их метаболитов в регуляции обменных процессов в организме человека. Дана характеристика микробного сообщества и филумов кишечника как факторов, определяющих здоровьесбережение и основные функции микробиоты в организме. Приведен анализ функционального потенциала представителей основных филогенетических линий кишечной микробиоты. Описаны важные свойства микробиоты, среди которых: защитный биологический барьер в кишечнике и стимуляция иммунной системы. Способность облигатной микрофлоры образовывать на поверхности слизистой кишечника биопленку за счет муцина и экзополисахаридов, обеспечивает закрытие рецепторов для адгезии на эпителиоцитах и формирование среды, неблагоприятной для патогенных микроорганизмов за счет закисления кишечного содержимого и выделения бактериоцинов. Микробиота, как сложноорганизованная экосистема человека, способна эффективно к самообновлению и эффективной поддержке гуморального иммунитета и противовоспалительного статуса, что, в целом, направлено на сохранение здоровья и работоспособности человека. Представлен комплекс характеристик микробного консорциума (иммуннометаболических, токсонимических, популяционных), являющихся критериями для оценки кишечной микрофлоры здорового человека и прогнозирующих риски возникновения заболеваний. Рассмотренный биохакинг из сферы консорциума кишечной микрофлоры может быть использован в качестве методических подходов при разработке биотехнологических форм, применимых в технологии специализированных продуктов с направленными функциональными свойствами. В этом направлении особое внимание уделяется вопросам раскрытия механизмов регуляции метаболизма с использованием пре-, про- и метабиотиков, поиску новых метафилтратов, ультрализатов, положительно влияющих на микрофлору кишечника, его экологию и иммунитет. Немаловажное значение отводится инновационным биотехнологическим решениям, направленным на сохранение используемых микроорганизмов и обеспечение их активности.

**Ключевые слова:** микробиом, характеристика, свойства, функциональный потенциал, биотехнологические продукты, обмен веществ, коррекция нарушений

**Для цитирования:** Современные представления о микробиоме и его роли в регуляции обменных процессов, сохранении здоровья и работоспособности / Д.Б. Никитюк, В.М. Позняковский, Е.М. Серба и др. // Вестник ЮУрГУ. Серия «Пищевые и биотехнологии». 2022. Т. 10, № 2. С. 59–72. DOI: 10.14529/food220207

© Никитюк Д.Б., Позняковский В.М., Серба Е.М., Австриевских А.Н., Потороко И.Ю., 2022

Original article  
DOI: 10.14529/food220207

## MODERN CONCEPTS OF THE MICROBIOME AND ITS ROLE IN METABOLIC PROCESS REGULATION, HEALTH PRESERVATION, AND PERFORMANCE

**D.B. Nikityuk<sup>1</sup>, V.M. Poznyakovsky<sup>2,3\*</sup>, E.M. Serba<sup>4</sup>,  
A.N. Avstrieviskikh<sup>2,5</sup>, I.Yu. Potoroko<sup>6</sup>**

<sup>1</sup> Institute of Nutrition, Federal State Budgetary Educational Institution of Science “Federal Research Center for Nutrition and Biotechnology”, Moscow, Russia

<sup>2</sup> Kuzbass State Agricultural Academy, Kemerovo, Russia

<sup>3</sup> Kemerovo State Medical University, Kemerovo, Russia

<sup>4</sup> All-Russian Research Institute of Food Biotechnology – branch of the Federal State Budgetary Scientific Institution “Federal Research Center for Nutrition and Biotechnology”, Moscow, Russia

<sup>5</sup> Art Life Company, Tomsk, Russia

<sup>6</sup> South Ural State University, Chelyabinsk, Russia,

\* [pvm1947@bk.ru](mailto:pvm1947@bk.ru)

**Abstract.** Modern ideas about the role of microorganisms and their metabolites in the regulation of metabolic processes in the human body are considered. The characteristics of the microbial community and intestinal phyla are given as factors that determine health protection and the main functions of the microbiota in the body. An analysis of the functional potential of representatives of the main phylogenetic lineages of the intestinal microbiota is given. Important properties of the microbiota are described, including: a protective biological barrier in the intestine and stimulation of the immune system. The ability of the obligate microflora to form a biofilm on the surface of the intestinal mucosa due to mucin and exopolysaccharides ensures the closure of adhesion receptors on epitheliocytes and the formation of an environment unfavorable for pathogenic microorganisms due to acidification of the intestinal contents and the release of bacteriocins. The microbiota, as a complex human ecosystem, is capable of effectively self-renewal and effective support of humoral immunity and anti-inflammatory status, which, in general, is aimed at maintaining human health and performance. A set of characteristics of a microbial consortium (immunometabolic, taxonomic, population) is presented, which are criteria for assessing the intestinal microflora of a healthy person and predicting the risks of diseases. The considered biohacking from the sphere of the intestinal microflora consortium can be used as methodological approaches in the development of biotechnological forms applicable in the technology of specialized products with targeted functional properties. In this direction, special attention is paid to the issues of revealing the mechanisms of metabolism regulation using pre-, pro- and metabiotics, the search for new metafiltrates, ultralysates that have a positive effect on the intestinal microflora, its ecology and immunity. Considerable importance is given to innovative biotechnological solutions aimed at preserving the microorganisms used and ensuring their activity.

**Keywords:** microbiome, characteristics, properties, functional potential, biotechnological products, metabolism, correction of disorders

**For citation:** Nikityuk D.B., Poznyakovsky V.M., Serba E.M., Avstrieviskikh A.N., Potoroko I.Yu. Modern concepts of the microbiome and its role in metabolic process regulation, health preservation, and performance. *Bulletin of the South Ural State University. Ser. Food and Biotechnology*, 2022, vol. 10, no. 2, pp. 59–72. (In Russ.) DOI: 10.14529/food220207

## Введение

Микробиом – постоянно действующая сложноорганизованная экосистема кишечника, осуществляющая регуляцию органов и систем организма. Поэтому микробиом позиционируют как второй мозг человека и определяют его функции в оси микробиота – кишечник – мозг.

Состав микробиома, его взаимодействие со слизистой и метаболическим пулом кишечника и определяет функциональное состояние иммунной системы, потребностей в пищевых веществах и энергии на всем протяжении онтогенетического развития организма.

Ось микробиота – кишечник – мозг определяет широкий ряд взаимодействий в линии микробиота кишечника – центральная нервная система и как следствие эндокринные, иммунные и нервные сигнальные пути. В настоящее время в научном сообществе сформировался определенный интерес к вкладу оси в развитие нервной системы и психическое здоровье человека.

Формирование благоприятного консорциума кишечной микрофлоры может быть достигнуто за счет включения в рационы питания продуктов специализированного назначения с доказанной уровнем адекватности для минимизации проблем нутритивных состояний. Содержащиеся в рационах питания нутриенты, в том числе эссенциальные, поддерживают кишечный гомеостаз на необходимом физиологическом уровне и способствуют отбору жизнеспособных микроорганизмов, обладающих генетической памятью для метаболизации биологически адекватных компонентов. Кроме того, следует учитывать, что от количества и качества поступивших с пищей макро- и микронутриентов зависит биологическая активность и соотношения продуцируемых микроорганизмами метаболитов, что формирует тесную взаимосвязь в оси питание – микробиом – здоровье человека. Микробиом занимает важные позиции в регуляции иммунитета, поддерживает энергетический и адаптационные резервы организма человека, защищая организм от инфекций и возможных патологических изменений, обеспечивая здоровье современного человека [1–4].

Нарушения в питании могут провоцировать дисбиотические изменения микробиома и приводить к различным нежелательным по-

следствиям обмена белков, жиров, углеводов и незаменимых микронутриентов [5, 6].

**Целью** данной работы явилось проведение анализа имеющийся в открытых источниках информации в области современных представлений о микробиоме, описание инновационных биотехнологических решений, направленных на сохранение симбиотических консорциумов микроорганизмов и обеспечение их гарантированной активности.

Долгое время при изучении механизмов влияния микроорганизмов на мозг и поведение человека недостаточно уделялось внимания на систему связей, которые позволяют бактериям непосредственно участвовать в регулировании биологических реакций хозяина. Следует отметить особую роль регуляторов метаболизма, синтезируемых микробиотой кишечника – короткоцепочечных жирных кислот, нейрональных, иммунных эффекторов и др.

*Характеристика микробиома взрослого человека*

Нормальный микробиом характеризуется следующими основными признаками:

- участие в метаболизме поступающих с пищей контаминатов, обмене макро- и микронутриентов;
- отсутствие системных воспалительных процессов, повышенного сбора и передачи энергии микрофлоры микробиоте хозяина;
- формирование качественного и количественного состава КЦ ЖК, осуществляющих контроль индукции иммунных белков и иммуноцитов, глюконеогенеза и липогенеза посредством передачи сигналов на рецепторы органов и систем организмов. Немаловажным признаком является энергетическое обеспечение колоноцитов;
- наличие антогонизма защитной микрофлоры в отношении кишечных патогенов.

В табл. 1 представлен комплекс характеристик микробного консорциума (иммунно-метаболических, токсономических, популяционных), являющихся критерием оценки кишечной микрофлоры здорового человека.

Значение представленных характеристик определены путем их исследования в биологических субстратах и жидкостях [7–20].

В составе кишечного микробиома присутствуют от 1 до 2 тысяч операционных таксономических единиц (ОТЕ), из них культивируемых видов не более 40 %.

Характеристики микробного сообщества кишечника (микробиоты)  
здорового взрослого человека [6]

№ п/п	Показатели	Значения	
1	2	3	
Таксонометрические и популяционные характеристики			
1	Метагеномная характеристика сообщества в ранге филумов (филотипов); соотношение в ДНК, выделенной из содержимого кишечника, %	Наличие 7 основных филотипов <i>Firmicutes</i> . <i>Bacteroidetes</i> . <i>Actinobacteria</i> . <i>Proteobacteria</i> . <i>Verrucomicrobia</i> . <i>Fusobacteria</i> . <i>Euryarchaeota</i> ( <i>Methanobacteraeota</i> ) Соотношение <i>Bacteroidetes</i> : <i>Firmicutes</i> (индекс В / F) – 1,7–6,0	
2	Наличие в составе микробиоты представителей основного микробиома (таксонов в ранге рода и вида, % и диапазон содержания, lg КОЕ/г кала) соотношение в ДНК, выделенной из содержимого кишечника (индекс Bjr 1 Fpau)	Роды и виды <i>Bifidobacteria</i> , <i>Atopobium</i> , <i>Lactobacillus</i> , <i>Bacteroides spp.</i> , в т. ч. <i>B. fragilis</i> , <i>Bacteroides thetaiotaomicron</i> , <i>Parabacteroides</i> , <i>Prevotella</i> , <i>Alistipes spp.</i> , <i>Faecalibacterium prausnitzii</i> , <i>Blautis</i> , <i>Dorea</i> , <i>Ruminococcus</i> , <i>Roseburia</i> , <i>Coprococcus</i> , <i>Clostridium spp.</i> (кроме <i>C. perfringens</i> , <i>C. botulinum</i> ), <i>Lachnobacterium</i> , <i>Anaerostipes</i> , <i>Enterococcus</i> , <i>Escherichia coli</i> . <i>Akkermansia spp.</i> , <i>Methanobrevihacter smithii</i> ) Соотношение видов <i>Bacteroides fragilis</i> : <i>Faecalibacterium prausnitzii</i> – не более 1,3	
3	Встречаемость условно-патогенных и патогенных микроорганизмов (% и диапазон содержания, lg КОЕ/г кала)	Не должны присутствовать: <i>C. difficile</i> , <i>Salmonella spp.</i> , <i>Shigella spp.</i> , <i>Klebsiella spp.</i> , <i>Pseudomonadaceae</i> , <i>Staphylococcus aureus</i> , <i>Bacillus cereus</i> . <i>Campylobacter coli &amp; jejuni &amp; lari</i> , <i>Helicobacter pylori</i> , <i>Listeria monocytogenes</i> ; Могут выделяться транзитрно: <i>Fusobacterium spp.</i> , <i>Candida spp.</i> , в количестве не более 4	
4	Уровень $\alpha$ -разнообразия (число видов кишечной микробиоты индивида)	Индекс Пиелу – более 0,4	
Показатели активности защитных и факультативных популяций (маркеры антагонизма)			
5	Кислотообразование у бифидобактерий (ед. рН в среде культивирования первой генерации)	Не более 4,5	
6	Гемолитическая активность аэробных и анаэробных микроорганизмов, %	Число КОЕ с признаками гемолиза эритроцитов в среде культивирования – менее 10 % от общего количества КОЕ/г кала	
Иммунологические и метаболические характеристики копрофильтрата			
7	Содержание КЦЖК, в том числе ацетата (А), пропионата (П), бутирата (Б)	мМоль/л, $\Sigma$	соотношение А: П: Б
		50–150	3:1:1
8	Концентрация аммиака фекальные аминокислоты и их производные, частота обнаружения, %, не более	$\beta$ - аспартилглицин	0
		$\gamma$ -аминоуксусная	0
		$\beta$ -аспартиллизин	0–10
		$\beta$ -аланин	0–5
		5-аминовалериановая	0–10
		$\gamma$ -аминоизомасляная	0–10

Окончание табл. 1

1	2	3
9	Концентрация секреторного IgA, мг/л	в пределах 0–50
10	Суммарная антилизоцимная, антииммуноглобулиновая и антинтерфероновая активности (индекс ингибирования тест-культур, частота обнаружения, %)	
11	Кислотность содержимого толстой кишки, ед рН	от 7,0 до 7,5

В основной микробиоте, которая выявляется практически у всех групп населения, ОТЕ представлены около 160 видами таксонов, которые характеризуют ее неизменность, индивидуальность и биоразнообразие [8, 21].

Состав и соотношение микробных популяций микробиоты изменяются в различные периоды жизни человека и могут зависеть от характера питания, заболеваний и последствий их лечения.

Основой микробиоты кишечника являются 4 бактериальных филума Firmicutes (F), Bacteroidetes (B), Proteobacteria (P) и Actinobacteria (A) (более 95 % идентифицированных таксонов). Филумы Fusobacteria, Verrucomicrobia, Euryarchaeota и Cyanobacteria характеризуются как субдоминантные и составляют не более 5 % (табл. 2). Доля других сообществ, способных быть как симбионтами, так и паразитами человека (грибы, вирусы, гельминты, простейшие), находится на уровне ~ 0,2 [22–26].

Ниже представлена характеристика основных филумов кишечного микробиома.

*Firmicutes*. В состав этого филума включены отдельные представители видов и родов, обладающие разным типом питания. Типичными представителями являются *Eubacteria*, *Lactobacillus*, *Clostridium*, *Lachnobacterium*, *Roseburia*, *Faecalibacteria*, *Blautia*, *Dorea*, *Bacillus*, *Mycoplasma*, *Streptococcus*, *Enterococcus*, *Leuconostoc*, *Staphylococcus spp.* Занимают ключевые позиции в метаболизме нерастворимых полисахаридов, других сложных углеводов и не утилизированного белка в верхних отделах ЖКТ.

*Bacteroidetes*. Идентифицированы четыре класса: *Bacteroidia* (*Bacteroides*, *Prevotella*, *Porphyromonas*, *Alistipes spp.*), *Flavobacteriia* (*Flavobacterium sp.*), *Cytophagia* (*Carnocytophaga*, *Odoribacter*), *Sphingobacteriia* (*Sphingobacterium sp.*), которые продуцируют медиаторы метаболиты, принимают участие в об-

мене аминокислот, белков, холина и желчных кислот, а также деградации полисахаридов. [27,28].

*Actinobacteria*. Распространены следующие виды *Bifidobacterium*, *Propionibacterium*, *Corynebacterium*, *Frankia*, *Arthrobacter*, *Micrococcus*, *Mycobacterium*, их значительную часть составляют сахаролитики, обеспечивающие гидролиз сложных углеводов, в том числе мукополисахарид, другие представители выполняют роль фактора колонизационной резистентности слизистой кишечника (образователи гликокаликса) [26].

*Proteobacteria*. В составе филума, наряду с симбионтами, находятся патогенные и условно патогенные микроорганизмы с разными типами питания и морфотипами. Они используют белки и аминокислоты в качестве сложных веществ и простые вещества – моносахара, аммоний и цитраты. При помощи анализа протеобактерии классифицируют на 6 классов: Alpha-, Beta-, Gamma-, Delta-, Epsilon- и Zeta. Класс Alpha составляют виды, осуществляющие спиртовое брожение, в состав Beta входят нитрификаторы, Gamma – метанотрофы. Для микробиоты имеют также значение семейства *Enterobacteriaceae*, *Vibrionaceae*, *Pseudomonadaceae*. Delta класс составляют анаэробные железобактерии и сульфат-редукторы, Epsilon классу принадлежат возбудители инфекций *C. jejuni* и *H. pylori* и сульфаспириллы, потребляющие водород и серу в качестве источника энергии [29].

К субдоминантным филумам относятся некультивируемые группы бактерий – Fusobacteria, которые представлены 11 родами и семействами *Fusobacteriaceae* и *Leptotrichiaceae*. В состав Verrucomicrobia входит 18 родов, из которых *Akkermansia* (*A. muciniphila*) и *Prostheco bacter sp.*, утилизируют муцин (гликопротеид) и различные сахара. Euryarchaeota включает экстремофилы: термококки, галобактерии, метаноккокки, метано-

Таблица 2

Филумы кишечного микробиома здоровых взрослых людей, % в общем пуле идентифицированных таксонов [6]

Превалирующие филумы (суммарно ~ 95 %)		Субдоминантные филумы (суммарно до 5 %)	
Филум	Характеристика	Филум	Характеристика
<i>Firmicutes</i> (фирмикуты)	Грамположительные бактерии с толстой клеточной стенкой, образующие и не образующие спор (~52 %)	<i>Verrucomicrobia</i> (веррукомикробия)	Муциндеградирующие анаэробные бактерии
<i>Bacteroidetes</i> (бактероидеты)	Грамотрицательные неспорообразующие облигатные анаэробные бактерии (~23 %)	<i>Euryarchaeota</i> (эуархеоты)	Метаногенные, водород-утилизирующие бесспорные археи
<i>Proteobacteria</i> (протеобактерии)	Грамотрицательные неспорообразующие аэробные, факультативно-анаэробные и анаэробные бактерии с внешней ЛПС-мембраной (~12 %)	<i>Fusobacteria</i> (фузобактерии)	Грамотрицательные полиморфные анаэробные бактерии
<i>Actinobacteria</i> (актинобактерии)	Грамположительные анаэробные и микроаэрофильные бактерии (~ 7–8 %)	<i>Cyanobacteria</i> (цианобактерии)	Одноклеточные сине-зеленые водоросли

бактерии, археоглобы, и др.), всего 8 классов архей. Утилизацию водорода, образующегося при гидролизе углеводов, обеспечивают некультивируемые археи – продуценты метана, представителями которых является *Methanobrevibacter*. *Cyanobacteria* – бактерии, постоянно присутствующие в кишечнике и осуществляющие фиксацию атмосферного азота.

Между филумами (таксономическими группами микроорганизмов) кишечного микробиома существуют определенные взаимодействия, связанные с обеспечением взаимных трофических путей обмена. В этой связи формирование структуры микробного консорциума зависит от количества и качественного состава потребляемого человеком нутриента, который, поступая в ЖКТ, трансформируется в различные метаболиты при участии микробных и эукариотических сообществ. Оценка состояния микробиома в зависимости от особенностей питания может быть дана с учетом таксономических вариаций филумов и биоразнообразия микроорганизмов.

Для определения совместного функционального состояния и нутриома применяется информативный маркер – соотношение между численностью филумов *Bacteroidetes* и *Firmicutes* (индекс «B:F»). Модификация это-

го индекса происходит только при изменении характера питания [30, 31].

Кишечная микробиота обладает следующими свойствами:

– Защитный биологический барьер в кишечнике и стимуляция иммунной системы. Эти свойства обеспечивают колонизационную резистентность и адаптацию организма к внешним факторам окружающей среды. Механизм этих процессов заключается во взаимодействии микроорганизмов с различного рода химическими соединениями и антигенами (мембранными, соматическими жгутиковыми, капсульными), вырабатываемыми лимфоидным аппаратом и эпителиальными клетками кишечника. При этом экспрессируются ответные реакции различных уровней обмена веществ [26, 32–35].

– Способность облигатной микрофлоры образовывать на поверхности слизистой кишечника биопленку. Входящие в ее состав муцины и экзополисахариды, наряду с бактериями, обеспечивают закрытие рецепторов для адгезии на эпителиоцитах.

– Формирование неблагоприятной для патогенных микроорганизмов среды путем участия грамположительных представителей нормофлоры в закислении кишечного содержимого, выделения веществ, в том числе бак-

териоцинов, обладающих антагонистической активностью в отношении рассматриваемой функции.

– Выработка и поддержка гумарального иммунитета (локального, системного) и противовоспалительного статуса за счет влияния грамотрицательной микрофлоры (главным образом *E. Coli*) [36–39].

Следует отметить, что возникновение дисбиозов может привести к нарушению защитного барьера, из просвета кишечника в кровотока могут проникать различные токсины, появляется риск возникновения системных воспалений, неинфекционных патологий и алиментарно-зависимых заболеваний. В табл. 3 даны представители кишечной микробиоты с направленным функциональным потенциалом.

В процессе своей жизнедеятельности микробиом кишечника продуцирует многочисленные биологически активные метаболиты: витамины, ферменты, аминокислоты, нейрорхимические соединения, дериваты желчных кислот и др. Ключевые позиции занимает образование эссенциальных короткоцепочечных жирных кислот (КЦЖК) – бутирата, ацетата, пропионата [40, 41]. Поступая в кровоток КЦЖК выполняют роль сигнальных молекул, осуществляющих регуляцию процессов метаболизма белков, жиров и углеводов, обмена энергией и клеточного иммунитета.

Немаловажное значение имеет влияние КЦЖК на формирование антиканцерогенных и противовоспалительных свойств микробиома [39, 42–46].

КЦЖК, взаимодействуя с катаболитами криптофана, гамма-аминомасляной кислотой, серотонином, другими нейроактивными молекулами – продуцентами микрофлоры, регулируют поведенческие, секреторные и двигательные реакции центральной нервной системы за счет функционирования оси «кишечник – мозг» [41, 47, 48].

Рассмотренные выше справочно-методические основы в области микробиома и его роли в регуляции обменных процессов могут иметь важное значение при разработке биотехнологических продуктов специализированного назначения на основе микроорганизмов и их метаболитов.

Стратегическими направлениями в этом векторе прикладной биотехнологии являются:

– взаимоотношение пищи и микробиома человека, что реализуется через лечебно-профилактические рационы, функциональные

пищевые продукты, нутрицевтики и фармако-нутриенты;

– фундаментальные и прикладные исследования про-, пре- и метабитиков, раскрытие механизмов их влияния на обмен веществ по направлениям метаболической детоксикации, редукционной и аддитивной коррекции возможных нарушений. Выявление причин, путей профилактики и комплексного лечения метаболических заболеваний (сердечно-сосудистых, диабета, дегенеративных изменений и др.);

– поиск новых бактериальных метаболитов и ультрализатов, положительно влияющих на рост нормальной микрофлоры и регуляцию биоценоза кишечника, повышающих иммунитет, угнетающих рост грибов, патогенных и условно-патогенных микроорганизмов;

– разработка природных детоксикантов, предназначенных для связывания и выведения из организма эндотоксинов, продуктов распада и гниения, аллергенов, тяжелых металлов, радионуклидов, других ксенобиотиков;

– накопление музейных (промышленных) штаммов бактерий с направленными функциональными свойствами, отличающихся быстрым ростом, высокой численностью при культивировании, фагоустойчивостью и жизнеспособностью.

Эти направления реализуются совместной работой с индустриальным партнером компанией «АртЛайф» (г. Томск) с получением биотехнологической продукции, медицинских доказательств ее эффективности и свидетельств о государственной регистрации [49, 50].

К эксклюзивным особенностям разрабатываемых биотехнологий относятся:

– используемые микроорганизмы имеют генетически закрепленную способность продуцировать стартовые субстраты для обмена веществ и являются частью рецепторов клеток;

– применение для культивирования штаммов различных сред на молочной, безмолочной, других основах, что имеет важное значение для потребителей с непереносимостью лактозы, аллергией на белок молока, другими заболеваниями;

– микрокапсулирование с наличием защитной оболочки на микрокапсуле, обеспечивающей длительный срок хранения активной биомассы, кислоторезистентность и жизнеспособность микроорганизмов при нахождении в агрессивной среде желудка;

Функциональный потенциал представителей кишечной микробиоты

Филумы	Популяции и виды		
	С противовоспалительным потенциалом	С воспалительным потенциалом	С патогенным потенциалом
	Апатогенные, проявляющие защитные, регуляторные и пробиотические свойства	Сапрофитные и условно-патогенные, проявляющие протеолитические, гемолитические свойства, способность к продукции токсических факторов	Облигатно патогенные, обладающие паразитическими, инвазивными свойствами и факторами агрессии
Firmicutes	<i>Faecalibacterium prausnitzii</i> , <i>Lactobacillus</i> , <i>Pediococcus</i> , <i>Leuconostoc</i> , <i>Lactococcus</i> , <i>Streptococcus thermophilus</i> . <i>Enterococcus dutrans</i> , <i>Roseburia hominis</i> , <i>Ruminococcus spp.</i> , <i>Lachnoclostridium spp.</i> , <i>Eubacterium replate &amp; hallii</i> , <i>Coprococcus spp.</i>	<i>Staphylococcus</i> , <i>Listeria spp.</i> , <i>Streptococcus pyogenes</i> , <i>Streptococcus pneumoniae</i> , <i>Enterococcus faecalis</i> , <i>Enterococcus faecium</i> , <i>Blautia</i> , <i>Parimonas micra</i> , <i>Veillonella</i> , <i>Peptococcus spp.</i>	<i>Listeria monocytogenes</i> , <i>Bacillus anthracis</i> , <i>Bacillus cereus</i> , <i>C.perfringens</i> , <i>C. difficile</i> , <i>C. tetani</i> , <i>C. septicum</i>
<i>Proteobacteria</i>	<i>E. coli</i> {с нормальной ферментативной активностью), <i>Wolinella</i>	<i>Sulterella</i> , <i>Bilophila spp.</i> , <i>Pseudomonadaceae</i> , Цитратассимилирующие бактерии: <i>Klebsiella</i> . <i>Citrobacter</i> , <i>Enterobacter</i> , <i>Serratia</i> . <i>Edwardsiella</i> , <i>Cronobacter</i> , атипичные <i>E. coli</i> . <i>Campylobacter</i> , <i>Sulfurospirillum</i> , <i>Pasteurellaceae</i> , <i>Burkholderia</i> , <i>Haemophilus spp.</i>	<i>Vibrio cholerae</i> , <i>Yersinia enterocolitica</i> , <i>Campylobacter coli &amp; jejuni &amp; lari</i> , <i>Helicobacter pylori</i> ., энтеропатогенные <i>E. coli</i> , <i>Salmonella</i> , <i>Shigella spp.</i>
<i>Acilnobia</i>	<i>Bifidobacterium spp.</i> <i>Collinsella intestinales</i>	<i>Alophium species</i> <i>Propionibacterium sp.</i>	–
<i>Verrucomicrobia</i>	–	<i>Akkermansia muciniphila</i>	–
Euryarchaeota	–	<i>Methanobrevibacter smithii</i>	–
Fusobacteria	–	<i>Fusobacterium sp.</i>	–

– заключение микроорганизмов в пребиотический матрикс из лактулозы. Такое техническое решение позволяет начать их размножение сразу после попадания в кишечник, независимо от наличия в нем веществ, необходимых для продуктивного роста;

– промышленные штаммы микроорганизмов относятся к пробиотическим, обладают устойчивостью к антибиотикам, желудочному соку, антагонистической активностью по отношению к патогенам, безопасностью для человека, животных и окружающей среде.

В настоящее время необходимость создания новых пищевых биотехнологий диктуется насущной потребностью современного рынка в продуктах здорового питания, обеспечивающих сохранение здоровья, работоспособности и, в целом, качество жизни.

При этом предпочтение отдается местным сырьевым ресурсам и инновационным способам их переработки с учетом генетического паспорта потребителя, принципов персонализации питания и превентивной медицины.

### Список литературы

1. Микробиом кишечника: от эталона нормы к патологии / С.А. Шевелева, И.Б. Куваева, Н.Р. Ефимочкина и др. // Вопросы питания. 2020. Т. 89, № 4. С. 35–51.
2. Погожева А.В., Шевелева С.А., Маркова Ю.М. Роль пробиотиков в питании здорового и больного человека // Лечащий врач. 2017. № 5. С. 67.
3. Черешнев В.А., Позняковский В.М. Фактор питания и эволюционно-генетическое формирование кишечной микрофлоры: значение для сохранения иммунитета и здоровья // Индустрия питания. 2020. Т. 6, № 3. С. 5–16.
4. Микробиом и биохакинг: парадигма управления здоровьем / А.А. Вековцев, Е.М. Серба, Б. Бямбаа, В.М. Позняковский // Индустрия питания. 2021. Т. 6, № 2. С. 16–32.
5. Шендеров Б.А. Медицинская микробная экология и функциональное питание: в 3 т. Т. 1. Микрофлора человека и животных и ее функции. М.: Грантъ, 1998. С. 288.
6. Шендеров Б.А. Медицинская микробная экология и функциональное питание: в 3 т. Т. 3. Пробиотики и функциональное питание. М.: Грантъ, 1998. С. 287.
7. Systematic review of the effects of the intestinal microbiota on selected nutrients and non-nutrients / C. Shortt, O. Hasselwander, A. Meynier et al. // European journal of nutrition. 2018. Т. 57(1). P. 25–49. DOI: 10.1007/s00394-017-1546-4
8. Методические рекомендации: МР 2.3.1.0253–21 «Нормы физиологических потребностей в энергии и пищевых веществах для различных групп населения Российской Федерации». М., 2021. 72 с.
9. Ткач С.М., Дорофеева А.А. Соотношение основных флотипов кишечной микробиоты у больных сахарным диабетом 2 типа // Клінічна ендокринологія та ендокринна хірургія. 2018. № 3 (63). С. 7–14.
10. Gut microbiota community characteristics and disease related microorganism pattern in a population of healthy Chinese people / W. Zhang, J. Li, S. Lu et al. // Scientific Reports. 2019. № 9. P. 1594. DOI: 10.1038/s41598-018-36318-y
11. Попенко А.С. Биоинформационное исследование таксономического состава микробиоты кишечника человека: дис. ... канд. биол. наук. М., 2014. 140 с.
12. Куваева И.Б., Ладодо К.С. Микроэкологические и иммунные нарушения у детей: диетическая коррекция. М.: Медицина, 1991. 240 с.
13. Microbiome responses to an uncontrolled short-term diet intervention in the frame of the citizen science project / N.S. Klimenko, A.V. Tyakht, A.S. Popenko et al. // Nutrients. 2018. № 10(5). P. 576. DOI: 10.3390/nu10050576
14. Human gut microbiota community structures in urban and rural populations in Russia / A.V. Tyakht, E.S. Kostyukova, A.S. Popenko et al. // Nat Commun. 2013. № 4. P. 2469.
15. The human microbiome in health and disease. Signa Vitae / D. Varda-Brkić, T. Vesna, Lidija Ž-S. et al. // Croatian International symposium on intensive 71 care medicine. Brijuni, Hrvatska. 2017. P. 42–43.
16. Lloyd-Price J., Abu-Ali G., Huttenhower C. The healthy human microbiome // Genome medicine. 2016. № 8(1). P. 51. DOI: 10.1186/s13073-016-0307-y
17. Xu Z., Knight R. Dietary effects on human gut microbiome diversity // British Journal of Nutrition. 2015. № 113(S1). P. S1–S5. DOI: 10.1017/s0007114514004127
18. Амерханова А.М. Научно-производственная разработка новых препаратов-синбиотиков и клинико-лабораторная оценка их эффективности: дис. ... д-ра биол. наук. М., 2009. 248 с.
19. Максимова О.В. Оценка микробиоты кишечника у детей с аллергическими заболеваниями в зависимости от массы тела: дис. ... канд. биол. наук. М., 2015. 185 с.
20. Особенности формирования микрофлоры у детей раннего возраста и пути ее коррекции с помощью пробиотиков / О.В. Максимова, М.Л. Шуникова, Б.А. Ефимов и др. // Педиатрическая фармакология. 2011. Т. 8, № 2. С. 94–98.
21. Диагностика дисбактериоза кишечника по спектру фекальных аминокислот / О.В. Багрянцева, Л.И. Каламкарлова, А.В. Рокутова и др. // Журнал микробиологии. 1999. № 4. С. 67–69.

22. Беляева Е.А. Микробиота кишечника коренного жителя Центрального федерального округа Российской Федерации как основа для создания региональных пробиотических препаратов: дис. ...канд. биол. наук. М., 2014. 256 с.
23. Core Human Microbiome as Viewed through 16S rRNA Sequence Clusters / S.M. Huse, Y. Ye, Y. Zhou et al. // PLOS ONE. 2012. № 7(6). P. 34242. DOI: 10.1371/journal.pone.0034242
24. Beyond just bacteria: functional biomes in the gut ecosystem including virome, mycobiome, archaeome and helminthes / R. Vemuri, E.M. Shankar, M. Chieppa et al. // Microorganisms. 2020. № 8(4). P. 483. DOI: 10.3390/microorganisms8040483
25. Choice of bacterial DNA extraction method from fecal material influences community structure as evaluated by metagenomic analysis / A. Wesolowska-Andersen et al. // Microbiome. 2014. № 2 (1). P. 19. DOI: 10.1186/2049-2618-2-19
26. Human Microbiome Project Consortium. Structure, function and diversity of the healthy human microbiome / C. Huttenhower, D. Gevers, R. Knight, et al. // Nature. 2012. № 486. P. 207–214. DOI: 10.1038/nature11234
27. Beyond just bacteria: functional biomes in the gut ecosystem including virome, mycobiome, archaeome and helminthes / R. Vemuri, E.M. Shankar, M. Chieppa // Microorganisms. 2020. № 8 (4). P. 483. DOI: 10.3390/microorganisms8040483
28. Human Microbiome Project Consortium. Structure, function and diversity of the healthy human microbiome / C. Huttenhower, D. Gevers, R. Knight // Nature. 2012. № 486. P. 207–214. DOI: 10.1038/nature11234
29. Ситкин С.И., Вахитов Т.Я., Ткаченко Е.И. Микробиота кишечника при язвенном колите и целиакии // Экспериментальная и клиническая гастроэнтерология. 2017. № 1. С. 8–30.
30. Wexler A.G., Goodman A.L. An insider's perspective: Bacteroides as a window into the microbiome // Nat Microbiol. 2017. № 2. P. 170.
31. Classification of domains and phyla – Hierarchical classification of prokaryotes (bacteria): Version 2.0. LPSN. Published. 2018.
32. Mariat D., Firmesse O., Levenez F. The Firmicutes/Bacteroidetes ratio of the human microbiota changes with age // BMC Microbiol. 2009. № 9(9). P. 123. DOI: 10.1186/1471-2180-9-123
33. Ottman N., Smidt H., Belzer C. The function of our microbiota: who is out there and what do they do? // Frontiers in cellular and infection microbiology. 2012. № 2. P. 104. DOI: 10.3389/fcimb.2012.00104
34. Venkatesh M. Dietary oil composition differentially modulates intestinal endotoxin transport and postprandial endotoxemia // Nutrition & Metabolism. 2013. № 10(6). DOI: 10.1186/1743-7075-10-6
35. Okada, Y. Anti-inflammatory effects of the genus Bifidobacterium on macrophages by modification of phospho-I kappaB and SOCS gene expression // Int. J. Exp. Pathol. 2009. № 90(2). P. 131–140. DOI: 10.1111/j.1365-2613.2008.00632.x
36. Ahern P.P., Maloy K.J. Understanding immune – microbiota interactions in the intestine // Immunology. 2019. № 159(1). P. 4–14. DOI: 10.1111/imm.13150
37. Helmut Brade. Endotoxin in Health and Disease. (NY) Marcel Dekker Basel. 1999.
38. Куваева И.Б. Характеристика функционального состояния микрoэкологической и иммунологической системы у детей в норме и при патологии. Теоретические и клинические аспекты науки о питании. М., 1985. Т. 4. С. 132–146.
39. Орлова Н.Г. Ферменты и иммунные белки желудочно-кишечного тракта у детей с различными клиническими проявлениями пищевой аллергии: дис. ... канд. мед. наук. М., 1986. 131 с.
40. Kuvaeva I.B., Orlova N.G., Borovik T.E. Microecology and local immune and nonspecific defensive proteins depending of different nutrition // Die Nahrung. 1987. № 31(5/6). P. 457–463. DOI: 10.1002/food.19870310534
41. Role of the microbiome in human development / M.G. Dominguez-Bello, F. Godoy-Vitorino, R. Knight et al. // Gut. 2019. № 68 (6). P. 1108–1114. DOI: 10.1136/gutjnl-2018-317503
42. Precision nutrition and the microbiome. Part I: Current state of the science / S. Mills, C. Stanton, J.A. Lane, G.J. Smith, R.P. Ross // Nutrients. 2019. № 11 (4). 923 p. DOI: 10.3390/nu11040923

43. Shenderov B.A. Gut indigenous microbiota and epigenetics // *Microbial ecology in health and disease*. 2012. № 23 (1). P. 171–195. DOI: 10.3402/mehd.v23i0.17195
44. From dietary fiber to host physiology: short-chain fatty acids as key bacterial metabolites / A. Koh, F. De Vadder, P. Kovatcheva-Datchary et al. // *Cell*. 2016. № 165 (6). P. 1332–1345. DOI: 10.1016/j.cell.2016.05.041
45. Systemic availability and metabolism of colonic-derived short-chain fatty acids in healthy subjects: a stable isotope study / E. Boets, SV Gomand, L. Deroover et al. // *The Journal of physiology*. 2017. № 595 (2). P. 541–555. DOI: 10.1113/jp272613
46. Возрастная динамика продукции короткоцепочечных жирных кислот кишечной микробиотой у пациентов, не имеющих гастроэнтерологических заболеваний / А.М. Затевалов, Е.П. Селькова, Н.В. Гудова, А.С. Оганесян // *Альманах клинической медицины*. 2018. Т. 46, № 2. С. 109–117.
47. Курмангулов А.А., Дороднева Е.Ф., Исакова Д.Н. Функциональная активность микробиоты кишечника при метаболическом синдроме // *Ожирение и метаболизм*. 2016. Т. 13, № 1. С. 16–19.
48. Microbial regulation of organismal energy homeostasis / P.D. Cani, M. Van Hul, C. Lefort et al. // *Nature metabolism*. 2019. № 1 (1). P. 34–46. DOI: 10.1038/s42255-018-0017-4
49. Биотехнологическая программа в форме БАД для поддержки индигенной микрофлоры кишечника / Б. Тохирён, А.А. Вековцев, О.Н. Булашко и др. // *Вестник ЮУрГУ. Серия «Пищевые и биотехнологии»*. 2020. Т. 8, № 2. С. 65–73. DOI: 10.14529/food200208
50. Вековцев А.А., Никитюк Д.Б., Позняковский В.М. Новые масштабные биотехнологические проекты в метаболической коррекции дисфункциональных состояний и синдромов дезадаптации // *Актуальные проблемы хранения и переработки сельскохозяйственного сырья: коллективная монография*. СПб.: Лань, 2020. С. 18–26.

#### References

1. Sheveleva S.A., Kuvaeva I.B., Efimochkina N.R. et al. Intestinal microbiome: from the standard of norm to pathology. *Voprosy pitaniya* [Nutritional Issues], 2020, vol. 89, no. 4, pp. 35–51. (In Russ.)
2. Pogozeva A.V., Sheveleva S.A., Markova Yu.M. The role of probiotics in the nutrition of a healthy and sick person. *Lechashchiy vrach* [Treating doctor], 2017, no. 5, p. 67. (In Russ.)
3. Chereshnev V.A., Poznyakovskiy V.M. Nutritional factor and evolutionary genetic formation of intestinal microflora: importance for maintaining immunity and health. *Industriya pitaniya* [Nutrition Industry], 2020, vol. 6, no. 3, pp. 5–16. (In Russ.)
4. Vekovtsev A.A., Serba E.M., Byambaa B., Poznyakovskiy V.M. Microbiome and biohacking: a paradigm of health management. *Industriya pitaniya* [Nutrition Industry], 2021, vol. 6, no. 2, pp. 16–32. (In Russ.)
5. Shenderov B.A. *Medsinskaya mikrobnaya ekologiya i funktsional'noe pitanie: v 3 t. T. 1. Mikroflora cheloveka i zhivotnykh i ee funktsii* [Medical microbial ecology and functional nutrition: in 3 volumes. V. 1. Human and animal microflora and its functions]. Moscow, 1998, p. 288.
6. Shenderov B.A. *Medsinskaya mikrobnaya ekologiya i funktsional'noe pitanie: v 3 t. T. 3. Probiotiki i funktsional'noe pitanie* [Medical microbial ecology and functional nutrition: in 3 volumes. V. 3. Probiotics and functional nutrition]. Moscow, 1998, p. 287.
7. Shortt C., Hasselwander O., Meynier A. et al. Systematic review of the effects of the intestinal microbiota on selected nutrients and non-nutrients. *European journal of nutrition*, 2018, vol. 57(1), pp. 25–49. DOI: 10.1007/s00394-017-1546-4
8. *Metodicheskie rekomendatsii: MR 2.3.1.0253–21 «Normy fiziologicheskikh potrebnostey v energii i pishchevykh veshchestvakh dlya razlichnykh grupp naseleniya Rossiyskoy Federatsii»* [Guidelines: MR 2.3.1.0253-21 "Norms of physiological needs for energy and nutrients for various groups of the population of the Russian Federation"]. Moscow, 2021. 72 p.
9. Tkach S.M., Dorofeeva A.A. The ratio of the main phlotypes of the intestinal microbiota in patients with type 2 diabetes mellitus. *Klinichna endokrinologiya ta endokrinna khirurgiya* [Clinical endocrinology and endocrine surgery], 2018, no. 3 (63), pp. 7–14. (In Russ.)

10. Zhang W., Li J., Lu S. et al. Gut microbiota community characteristics and disease related microorganism pattern in a population of healthy Chinese people. *Scientific Reports*, 2019, no. 9, p. 1594. DOI: 10.1038/s41598-018-36318-y
11. Popenko A.S. *Bioinformatsionnoe issledovanie taksonomicheskogo sostava mikrobioty kishhechnika cheloveka. dis. ... kand. biol. nauk* [Bioinformatic study of the taxonomic composition of the human intestinal microbiota: dis. ... cand. biol. Sciences]. Moscow, 2014. 140 p.
12. Kuvaeva I.B., Ladodo K.S. *Mikroekologicheskie i immunnnye narusheniya u detey: dieticheskaya korrektsiya* [Microecological and immune disorders in children: dietary correction]. Moscow, 1991. 240 p.
13. Klimenko N.S., Tyakht A.V., Popenko A.S. et al. Microbiome responses to an uncontrolled short-term diet intervention in the frame of the citizen science project. *Nutrients*, 2018, no. 10(5), p. 576. DOI: 10.3390/nu10050576
14. Tyakht A.V., Kostyukova E.S., Popenko A.S. et al. Human gut microbiota community structures in urban and rural populations in Russia. *Nat Commun.*, 2013, no. 4, p. 2469.
15. Varda-Brkić D., Vesna T., Lidija Ž-S. et al. The human microbiome in health and disease. *Signa Vitae. Croatian International symposium on intensive 71 care medicine*. Gašparović V. (ed.). Brijuni, Hrvatska. 2017, pp. 42–43.
16. Lloyd-Price J., Abu-Ali G., Huttenhower S. The healthy human microbiome. *Genome medicine*, 2016, no. 8(1), p. 51. DOI: 10.1186/s13073-016-0307-y
17. Xu Z., Knight R. Dietary effects on human gut microbiome diversity. *British Journal of Nutrition*, 2015, no. 113(S1), p. S1–S5. DOI: 10.1017/s0007114514004127
18. Amerkhanova A.M. *Nauchno-proizvodstvennaya razrabotka novykh preparatov-sinbiotikov i kliniko-laboratornaya otsenka ikh effektivnosti: dis. ... d-ra biol. nauk* [Scientific and production development of new drugs-synbiotics and clinical and laboratory evaluation of their effectiveness: dis. ... Dr. Biol. Sciences]. Moscow, 2009. 248 p.
19. Maksimova O.V. *Otsenka mikrobioty kishhechnika u detey s allergicheskimi zabolevaniyami v zavisimosti ot massy tela: dis. kand. biol. nauk* [Evaluation of the intestinal microbiota in children with allergic diseases depending on body weight: dis. ... cand. biol. Sciences]. Moscow, 2015. 185 p.
20. Kafarskaya L.I., Shunikova M.L., Efimov B.A. et al. Features of the formation of microflora in young children and ways of its correction with the help of probiotics. *Pediatricheskaya farmakologiya* [Pediatric pharmacology], 2011, vol. 8, no. 2, pp. 94–98. (In Russ.)
21. Bagryantseva O.V., Kalamkarova L.I., Rokutova A.V. et al. Diagnosis of intestinal dysbacteriosis by the spectrum of fecal amino acids. *Zhurnal mikrobiologii* [Journal of Microbiology], 1999, no. 4, pp. 67–69. (In Russ.)
22. Belyaeva E.A. *Mikrobiota kishhechnika korennoogo zhitelya Tsentral'nogo federal'nogo okruga Rossiyskoy Federatsii kak osnova dlya sozdaniya regional'nykh probioticheskikh preparatov: diss. ...kand. biol. nauk* [Intestinal microbiota of a native inhabitant of the Central Federal District of the Russian Federation as a basis for the creation of regional probiotic preparations: dis. ...cand. biol. Sciences]. Moscow, 2014. 256 p.
23. Huse S.M., Ye Y., Zhou Y. et al. Core Human Microbiome as Viewed through 16S rRNA Sequence Clusters. *PLOS ONE*, 2012, no. 7(6), p. 34242. DOI: 10.1371/journal.pone.0034242
24. Vemuri R., Shankar E.M., Chieppa M. et al. Beyond just bacteria: functional biomes in the gut ecosystem including virome, mycobiome, archaeome and helminthes. *Microorganisms*, 2020, no. 8(4), p. 483. DOI: 10.3390/microorganisms8040483
25. Wesolowska-Andersen A. et al. Choice of bacterial DNA extraction method from fecal material influences community structure as evaluated by metagenomic analysis. *Microbiome*, 2014, no. 2 (1), p. 19. DOI: 10.1186/2049-2618-2-19
26. Huttenhower C., Gevers D., Knight R. et al. Human Microbiome Project Consortium. Structure, function and diversity of the healthy human microbiome. *Nature*, 2012, no. 486, pp. 207–214. DOI: 10.1038/nature11234
27. Vemuri R., Shankar E.M., Chieppa M. et al. Beyond just bacteria: functional biomes in the gut ecosystem including virome, mycobiome, archaeome and helminthes. *Microorganisms*, 2020, no. 8 (4), p. 483. DOI: 10.3390/microorganisms8040483

28. Huttenhower C., Gevers D., Knight R. et al. Human Microbiome Project Consortium. Structure, function and diversity of the healthy human microbiome. *Nature*, 2012, no. 486, pp. 207–214. DOI: 10.1038/nature11234
29. Sitkin S.I., Vakhitov T.Ya., Tkachenko E.I. Intestinal microbiota in ulcerative colitis and celiac disease // *Experimental and Clinical Gastroenterology. Eksperimental'naya i klinicheskaya gastroenterologiya* [ ], 2017, no. 1, pp. 8–30. (In Russ.)
30. Wexler A.G., Goodman A.L. An insider's perspective: Bacteroides as a window into the microbiome. *Nat Microbiol.*, 2017, no. 2, p. 170.
31. *Classification of domains and phyla – Hierarchical classification of prokaryotes (bacteria):* Version 2.0. LPSN. Published. 2018.
32. Mariat D., Firmesse O., Levenez F. The Firmicutes/Bacteroidetes ratio of the human microbiota changes with age. *BMC Microbiol.*, 2009, no. 9(9), p. 123. DOI: 10.1186/1471-2180-9-123
33. Ottman N., Smidt H., Belzer C. The function of our microbiota: who is out there and what do they do? *Frontiers in cellular and infection microbiology*, 2012, no. 2, pp. 104. DOI: 10.3389/fcimb.2012.00104
34. Venkatesh M. Dietary oil composition differentially modulates intestinal endotoxin transport and postprandial endotoxemia. *Nutrition&Metabolism*, 2013, no. 10(6). DOI: 10.1186/1743-7075-10-6
35. Okada Y. Anti-inflammatory effects of the genus Bifidobacterium on macrophages by modification of phospho-I kappaB and SOCS gene expression. *Int. J. Exp. Pathol.*, 2009, no. 90(2), pp. 131–140. DOI: 10.1111/j.1365-2613.2008.00632.x
36. Ahern P.P., Maloy K.J. Understanding immune-microbiota interactions in the intestine. *Immunology*, 2019, no. 159(1), pp. 4–14. DOI: 10.1111/imm.13150
37. Helmut B. *Endotoxin in Health and Disease*. (NY) Marcel Dekker Basel, 1999.
38. Kuvaeva I.B. *Kharakteristika funktsional'nogo sostoyaniya mikroekologicheskoy i immunologicheskoy sistemy u detey v norme i pri patologii. Teoreticheskie i klinicheskie aspekty nauki o pitanii* [Characteristics of the functional state of the microecological and immunological systems in children in normal and pathological conditions. Theoretical and clinical aspects of nutrition science]. Moscow, 1985, vol. 4, pp. 132–146.
39. Orlova N.G. *Fermenty i immunnnye belki zheludochno-kishechnogo trakta u detey s razlichnymi klinicheskimi proyavleniyami pishchevoy allergii: dis. kand. med. nauk* [Enzymes and immune proteins of the gastrointestinal tract in children with various clinical manifestations of food allergy: dis. ... cand. honey. Sciences]. Moscow, 1986. 131 p.
40. Kuvaeva I.B., Orlova N.G., Borovik T.E. Microecology and local immune and nonspecific defensive proteins depending of different nutrition. *Die Nahrung*, 1987, no. 31(5/6), pp. 457–463. DOI: 10.1002/food.19870310534
41. Dominguez-Bello M.G., Godoy-Vitorino F., Knight R. et al. Role of the microbiome in human development. *Gut*, 2019, no. 68 (6), pp. 1108–1114. DOI: 10.1136/gutjnl-2018-317503
42. Mills S., Stanton C., Lane J.A., Smith G.J., Ross R.P. Precision nutrition and the microbiome. Part I: Current state of the science. *Nutrients*, 2019, no. 11 (4). 923 p. DOI: 10.3390/nu11040923
43. Shenderov B.A. Gut indigenous microbiota and epigenetics. *Microbial ecology in health and disease*, 2012, no. 23 (1), pp. 171–195. DOI: 10.3402/mehd.v23i0.17195
44. Koh A., De Vadder F., Kovatcheva-Datchary P. et al. From dietary fiber to host physiology: short-chain fatty acids as key bacterial metabolites. *Cell*, 2016, no. 165 (6), pp. 1332–1345. DOI: 10.1016/j.cell.2016.05.041
45. Boets E., Gomand S.V., Deroover L. et al. Systemic availability and metabolism of colonic-derived short-chain fatty acids in healthy subjects: a stable isotope study. *The Journal of physiology*, 2017, no. 595 (2), pp. 541–555. DOI: 10.1113/jp272613
46. Zatevalov A.M., Sel'kova E.P., Gudova N.V., Oganessian A.S. Age dynamics of the production of short-chain fatty acids by the intestinal microbiota in patients without gastroenterological diseases. *Al'manakh klinicheskoy meditsiny* [Almanac of Clinical Medicine], 2018, vol. 46, no. 2, pp. 109–117. (In Russ.)
47. Kurmangulov A.A., Dorodneva E.F., Isakova D.N. Functional activity of the intestinal microbiota in metabolic syndrome. *Ozhirenie i metabolizm* [Obesity and metabolism], 2016, vol. 13, no. 1, pp. 16–19. (In Russ.)

48. Cani P.D., Van Hul M., Lefort C. et al. Microbial regulation of organismal energy homeostasis. *Nature metabolism*, 2019, no. 1 (1), pp. 34–46. DOI: 10.1038/s42255-018-0017-4

49. Tokhirijon B., Vekovtsev A.A., Bulashko O.N., Kotova T.V., Poznyakovskiy V.M. Biotechnological Program in the Form of Biologically Active Additives to Support Indigenous Intestinal Microflora. *Bulletin of the South Ural State University. Ser. Food and Biotechnology*, 2020, vol. 8, no. 2, pp. 65–73. (In Russ.) DOI: 10.14529/food200208

50. Vekovtsev A.A., Nikityuk D.B., Poznyakovskiy V.M. Novye masshtabnye biotekhnologicheskie proekty v metabolicheskoy korrektsii disfunktsional'nykh sostoyaniy i sindromov dezadaptatsii [New large-scale biotechnological projects in the metabolic correction of dysfunctional states and maladjustment syndromes]. *Kollektivnaya monografiya «Aktual'nye problemy khraneniya i pererabotki sel'skokhozyaystvennogo syr'ya»* [Collective monograph “Actual problems of storage and processing of agricultural raw materials”]. St. Petersburg, 2020, pp. 18–26.

### *Информация об авторах*

**Никитюк Дмитрий Борисович**, директор, член-корреспондент РАН, доктор медицинских наук, профессор, Институт питания ФГБОУ науки «ФИЦ питания и биотехнологии», Москва, Россия

**Позняковский Валерий Михайлович**, Заслуженный деятель науки РФ, доктор биологических наук, профессор, зав. кафедрой «Биотехнологии и производство продуктов питания», Кузбасская государственная сельскохозяйственная академия; профессор кафедры «Гигиена», Кемеровский государственный медицинский университет, Кемерово, Россия, pvm1947@bk.ru

**Серба Елена Михайловна**, член-корреспондент РАН, доктор биологических наук, профессор РАН, зам. директора по научной работе, Всероссийский НИИ пищевой биотехнологии – филиал ФГБУН «ФИЦ питания и биотехнологии», Москва, Россия.

**Австриевских Александр Николаевич**, доктор технических наук, профессор, генеральный директор, компания «Арт Лайф», Томск; профессор базовой кафедры «Пищевая индустрия и функциональное питание», Кузбасская государственная сельскохозяйственная академия, Кемерово, Россия.

**Потороко Ирина Юрьевна**, зав. кафедрой «Пищевые и биотехнологии», Южно-Уральский государственный университет, Челябинск, Россия, potorokoi@susu.ru

### *Information about the authors*

**Dmitry B. Nikityuk**, Director, Corresponding Member of the Russian Academy of Sciences, Doctor of Medical Sciences, Professor, Institute of Nutrition, Federal State Budgetary Educational Institution of Science “Federal Research Center for Nutrition and Biotechnology”, Moscow, Russia

**Valery M. Poznyakovskiy**, Poznyakovskiy Valery Mikhailovich, Honored Worker of Science of the Russian Federation, Doctor of Biological Sciences, Professor, Head Department of Biotechnology and Food Production, Kuzbass State Agricultural Academy; Professor, Department of Hygiene, Kemerovo State Medical University, Kemerovo, Russia, pvm1947@bk.ru.

**Elena M. Serba**, Corresponding Member of the Russian Academy of Sciences, Doctor of Biological Sciences, Professor of the Russian Academy of Sciences, Deputy Director for Research, All-Russian Research Institute of Food Biotechnology – branch of the Federal State Budgetary Scientific Institution “Federal Research Center for Nutrition and Biotechnology”, Moscow, Russia.

**Alexander N. Avstrievskikh**, Doctor of Technical Sciences, Professor, General Director, Art Life Company, Tomsk; professor of the basic department “Food industry and functional nutrition”, Kuzbass State Agricultural Academy, Kemerovo, Russia.

**Irina Yu. Potoroko**, Head of the Department of Food and Biotechnology, South Ural State University, Chelyabinsk, Russia, potorokoi@susu.ru

*Статья поступила в редакцию 12.02.2022*

*The article was submitted 12.02.2022*