

Микробиом кожи и его клиническое значение

А.М.Морозов^{1,2}, А.Н.Сергеев^{1,2}, Ю.В.Червинец¹, М.Е.Пискарева¹

¹ФГБОУ ВО «Тверской государственный медицинский университет» Минздрава России, Тверь, Российская Федерация;

²Городская клиническая больница №7 Министерства здравоохранения Тверской области, Тверь, Российская Федерация

Микробиом кожи человека разнообразен и зависит от множества факторов, таких как пол, возраст, этническая принадлежность и географическое положение. Различные области кожи преимущественно колонизированы микроорганизмами, наиболее адаптированными к конкретным микросредам в зависимости от температуры, выработки кожного сала и уровня потоотделения. Сухие участки кожи наиболее благоприятны для представителей рода *Aspergillus*, *Flavonacterium*, *Proteus* и *Xanthobacter*, в то время как на влажных большее распространение получили *Staphylococcus*, *Corynebacterium* и β -*Proteobacteria*. Исследование микробного состава кожи способно значительно улучшить качество оказываемой хирургической помощи, а также снизить количество послеоперационных осложнений инфекционного генеза. Понимание механизмов, лежащих в основе данных нарушений, влияющих на микробиом, и взаимодействия между микробиомом кожи и инфекционными агентами потенциально позволит использовать новые стратегии профилактики лечения заболеваний.

Ключевые слова: микробиом, передняя брюшная стенка, микроорганизмы, патогены, инфекция, микробиология

Для цитирования: Морозов А.М., Сергеев А.Н., Червинец Ю.В., Пискарева М.Е. Микробиом кожи и его клиническое значение. Бактериология. 2025; 10(3): 83–89. DOI: 10.20953/2500-1027-2025-3-83-89

The skin microbiome and its clinical significance

A.M.Morozov^{1,2}, A.N.Sergeev^{1,2}, Yu.V.Chervinets¹, M.E.Piskareva¹

¹Tver State Medical University, Tver, Russian Federation;

²Municipal Clinical Hospital No 7, Ministry of Health of the Tver Region, Tver, Russian Federation

The human skin microbiome is diverse and depends on many factors such as gender, age, ethnicity and geographical location. Different areas of the skin are predominantly colonised by microorganisms that are best adapted to specific microenvironmental conditions, depending on temperature, sebum production and sweating. Dry skin areas are most favourable for *Aspergillus*, *Flavonacterium*, *Proteus* and *Xanthobacter*, while *Staphylococcus*, *Corynebacterium* and β -*Proteobacteria* are more prevalent in moist areas. The study of the microbial composition of the skin can significantly improve the quality of surgical care and reduce the number of postoperative complications of infectious genesis. Understanding the mechanisms underlying these disorders affecting the microbiome and the interactions between the skin microbiome and infectious agents will potentially enable new strategies to prevent disease management.

Key words: microbiome, anterior abdominal wall, microorganisms, pathogens, infection, microbiology

For citation: Morozov A.M., Sergeev A.N., Chervinets Yu.V., Piskareva M.E. The skin microbiome and its clinical significance. Bacteriology. 2025; 10(3): 83–89. (In Russian). DOI: 10.20953/2500-1027-2025-3-83-89

Кожа является самым крупным органом человеческого тела. Она отделяет внутреннюю среду организма от внешней и представляет собой первую линию защиты от экзогенных патогенов, вследствие чего обладает повышенным риском инфицирования и повреждения. Одной из главных функций кожи является барьерная, обеспечиваемая как за счет ее собственных клеток, так и за счет микроорганизмов, обитающих на ее поверхности [1]. Данные микроорганизмы представляют собой динамическую экосистему (микробиом), включающую различные виды бактерий, гри-

бов, вирусов. С практической точки зрения наибольший интерес представляют резидентные (постоянные) микроорганизмы, формирующие относительно фиксированные колонии, способные к самостоятельному восстановлению популяции при различных структурных повреждениях кожи. Считается, что данная группа представлена приносящими организму пользу комменсалами, которые принимают активное участие в поддержании барьерной функции кожи, а также в основных физиологических процессах, происходящих на ее поверхности [2–4].

Для корреспонденции:

Морозов Артём Михайлович, кандидат медицинских наук, доцент кафедры общей хирургии Тверского государственного медицинского университета; врач-хирург Городской клинической больницы №7 Министерства здравоохранения Тверской области

Адрес: 170100, Тверь, ул. Советская, 4
ORCID: 0000-0003-4213-5379

Статья поступила 13.02.2025, принята к печати 30.09.2025

For correspondence:

Artem M. Morozov, PhD, MD, Associate Professor, Associate Professor of the Department of General Surgery Tver State Medical University; Surgeon of Municipal Clinical Hospital No 7, Ministry of Health of the Tver Region

Address: 4 Sovetskaya str., Tver, 170100, Russian Federation
ORCID: 0000-0003-4213-5379

The article was received 13.02.2025, accepted for publication 30.09.2025

Тема микробиома кожи не теряет своей актуальности на протяжении последних десятилетий, и с каждым годом интерес медицинского сообщества к более детальному изучению кожной микрофлоры и микробиоты только возрастает. В последующих разделах будут представлены последние сведения о микробиоме передней брюшной стенки, включая его состав и структуру в норме и при некоторых наиболее распространенных патологических состояниях, а также механизмы взаимодействия входящих в его состав микроорганизмов между собой и с организмом в целом.

Целью настоящего исследования является анализ данных о составе микробиома кожи, его роли в норме и при патологии, а также о клиническом значении в практике.

Материалы и методы

В ходе настоящего исследования был проведен анализ актуальных литературных источников на тему состава и роли микробиома передней брюшной стенки в норме и при патологии. Базой для поиска информации послужили MedLine (PubMed), Научная электронная библиотека, интегрированная с Российским индексом научного цитирования eLIBRARY, а также Scopus и Web of Science.

Результаты исследования и их обсуждение

Комменсальные микроорганизмы находятся в симбиотических отношениях с организмом хозяина. Данное взаимодействие способствует стабильности микробиома и целостности кожи. Понимание и поддержание хрупкого баланса между кожей и микробиомом являются важными шагами для познания механизмов, непосредственно отвечающих за поддержание здорового кожного покрова [5, 6].

Резидентные микроорганизмы обеспечивают первую линию защиты от вторжения патогенов. *Staphylococcus epidermidis* и некоторые другие бактерии способны напрямую взаимодействовать с кератиноцитами, вызывая выработку антимикробных пептидов через сигнализацию иммунных клеток [7–9]. Выделяемые β -дефензины проявляют бактерицидные свойства в отношении *Staphylococcus aureus* и *Escherichia coli* [10]. *S. epidermidis* также выделяет протеазу, ускоряет процесс заживления ран за счет своего противовоспалительного действия и обладает противоопухолевой активностью [11, 12]. Остальные коагулазоотрицательные стафилококки также производят бактериоцины, ограничивающие выживание патогенных бактерий на поверхности кожи, и соединения, обладающие иммуномодулирующим и противовоспалительным действием [13].

S. aureus в коже может преобразовывать гистидин в аминокислоту, которая в дальнейшем превращается в трансурокаиновую кислоту, тем самым обеспечивая защиту кожи от ультрафиолетового излучения. Представители рода *Corynebacterium* способны изменять липидный состав на поверхности кожи и обеспечивать толстый барьер кожного сала [7]. *Lactobacillus* spp. предотвращают колонизацию патогенов и производят противовоспалительные вторичные метаболиты [9]. Параллельно хозяин обеспечивает микроорганизмы питательными веществами, тем самым формируя и поддерживая постоянный состав микробиома [5].

Основные виды резидентных микроорганизмов

Абсолютное большинство симбиотных бактерий здоровой кожи у людей относится к одному из четырех типов [14, 15]:

Actinobacteria (51,8%): роды *Corynebacterium*, *Propionibacterium*, *Micrococcus*, *Actinobacterium*, *Brevibacterium*;

Firmicutes (24,4%): роды *Staphylococcus*, *Streptococcus*, *Finegoldia*;

Proteobacteria (16,5%): роды *Paracoccus*, *Haematobacter*;

Bacteroidetes (6,3%): роды *Prevotella*, *Porphyromonas*, *Chryseobacterium*.

Помимо этого, до 4% занимают археи, среди наиболее распространенных родов которых можно выделить *Thaumarchaeota* и *Euryarchaeota* [14].

Макроскопически на коже можно обнаружить множество различных карманов, инвагинаций и ниш, каждая из которых обладает уникальной микросредой: отличается липидным и пептидным составами, а также показателями pH и температуры. Например, усредненные значения температуры и pH в околопупочной области составляют 33,3°C и 5,35–5,55, а в паховой – 36,1°C и 6,22 соответственно. При этом показатели pH довольно сильно варьируют в зависимости от половой принадлежности и состояния здоровья человека [16, 17].

Микробное сообщество кожи человека разнообразно и зависит от множества факторов, таких как пол, возраст, этническая принадлежность и географическое положение. Различные области кожи населяются разными микроорганизмами, адаптирующимися к конкретным микросредам в зависимости от температуры, выработки кожного сала и уровня потоотделения на занятой ими нише [18, 19].

По физиологическим свойствам участки кожи можно разделить на три основные группы: сухие, влажные и сальные [20]. Вместе с этим В. Dréno выделяет еще одну группу: в нее входят дерма, волосные фолликулы, сальные и потовые железы [17]. Особенности каждого из упомянутых участков создают отличные друг от друга по уровню выделяемых липидов и влаги условия, способствующие распространению различных видов микроорганизмов [21]. Сухие участки кожи наиболее благоприятны для представителей рода *Aspergillus*, *Flavonacterium*, *Proteus* и *Xanthobacter*, в то время как на влажных участках кожи большее распространение получили *Staphylococcus*, *Corynebacterium* и β -*Proteobacteria* [22, 23]. Кожа передней брюшной стенки преимущественно представлена сухими участками, исключение составляют ее нижняя часть и пупочная область, где влажность сравнительно выше [24].

Умбиликальная область имеет важное клиническое значение в абдоминальной хирургии, так как является наиболее распространенным местом доступа в брюшную полость, при этом данная область обладает повышенной влажностью, что способствует бактериальной колонизации [25]. Вместе с тем большинство послеоперационных инфекционных осложнений вызваны внутрибрюшным инфицированием, а не микрофлорой кожи [26]. Микробиом пупочной области в норме представлен родами *Staphylococcus*, *Corynebacterium* и типом *Proteobacteria*, при этом могут выделяться транзиторные микроорганизмы, например бактерии рода *Enterococcus* [27]. Однако в отдельных случаях, при пренебрежении правилами личной гигиены, микробиом претерпевает значи-

тельные изменения: представители резидентной флоры уменьшаются в количестве или полностью исчезают, появляются бактерии из группы анаэробов, такие как *Mobiluncus*, *Arcanobacterium* и *Peptoniphilus*, что говорит о необходимости уделения особого внимания гигиеническим манипуляциям при подготовке больного к оперативному вмешательству. Исследование J.Kleeff et al. продемонстрировало, что антисептическая подготовка кожи не способна полностью избавиться от микрофлоры пупочной области 24,7% пациентов [28].

Нижняя часть передней брюшной стенки также является одним из распространенных мест доступа при операциях на брюшной полости, малом тазу, а также тазобедренном суставе, при этом микробиологический анализ показывает наличие как аэробной, так и анаэробной флоры. Наибольшую долю при этом занимают представители родов *Staphylococcus*, *Corynebacterium* и *Cutibacterium*. Также могут быть выявлены представители типов *Pseudomonadota*, *Bacillota*, *Bacteroidota* и *Actinomycetota*. P.M.Anderson et al. провели исследование, направленное на изучение изменений микробиома у людей с ожирением, по результатам которого было выявлено увеличение распространенности бактерий порядка *Enterobacterales*, в частности *E. coli*, *Proteus mirabilis*, *Klebsiella pneumoniae* и *Enterobacter cloacae* [29]. Данные результаты могут быть объяснены близостью к урогенитальной области, а также, возможно, снижением эффективности местных гигиенических процедур у больных за счет нависания брюшного фартука, что также создает анаэробные условия с повышенной влажностью, наиболее благоприятные для персистенции соответствующей флоры, способной привести к развитию инфекционных осложнений. В статье D.B.Buchalter et al. было отмечено увеличение частоты инфекций области хирургического вмешательства, вызванных грамотрицательными микроорганизмами, у больных после эндопротезирования тазобедренного сустава через прямой передний доступ, что связано с особенностями микробиома паховой области [30].

В то время как поверхностные слои кожи демонстрируют большое видовое разнообразие, в более глубоких слоях отмечается значительное содержание представителей классов *Clostridiales* и *Bacteroidetes*. Подобные отличия хорошо заметны при использовании различных методов забора биологического материала – мазки тампоном помогают оценить состав поверхностных слоев, а биопсия – более глубоких [31].

Половые и этнические особенности микробиома

Различия видового состава мужского и женского микробиома развиваются за счет наличия характерных особенностей кожи у людей разного пола: толщины кожи, количества волос, потовых и сальных желез. Микробиом женской кожи характеризуется большим разнообразием видов, чем у мужчин [32]. Предположительно, данное разнообразие могло быть обеспечено благодаря меньшей толщине кожи, более низкому показателю pH и менее интенсивному потоотделению [33]. Половые гормоны, которые влияют на функционирование иммунных клеток, также имеют решающее значение [8]. J.-H.Jo et al. предположили, что пол может оказать повышенное влияние на структуру микробиома в период

полового созревания [34]. В своем исследовании M.H.Y.Leung et al. показали, что для мужчин характерно обилие *Cutibacterium* и *Staphylococcus*, в то время как *Streptococcus* был более распространен среди женщин [35]. В то же время при изучении распределения грибов *Malassezia* A.Prohic et al. не выявили значимого влияния пола. При этом было отмечено существенное влияние на состав и разнообразие архейного сообщества [36]. J.Oh et al. при исследовании мужчин и женщин в возрасте от 2 до 40 лет, независимо от их возраста, на основании мазков с сухих участков кожи также не выявляли существенных различий, связанных с полом [37]. Изучая участки кожи с повышенной влажностью, C.Callewaert et al. выделили две основные группы в зависимости от преимущественной колонизации за счет *Staphylococcus* или *Corynebacterium* [38]: у женщин преимущественно определялись представители рода *Staphylococcus*, в то время как у мужчин чаще определялись *Corynebacterium*. Подобное распределение может быть связано с более высокой чувствительностью *Corynebacterium* к противомикробным агентам, персистирующим на коже человека, и, в особенности, к низким значениям pH (по сравнению с *Staphylococcus* spp.). В то же время M.Li et al. отметили большее количество *Corynebacterium* spp. у мужчин, что менее характерно для женщин [39].

Среди генетических факторов, формирующих микробиом кожи, этническая принадлежность является вторичной, она способствует изменению микробиома кожи и достаточно сильно связана с образом жизни, прежде всего с гигиеническими привычками [40].

Возрастные изменения микробиома

Несмотря на то, что микробиом кожи человека является относительно стабильным с течением времени, старение – один из основных факторов, влияющих на изменение его состава. Взаимосвязь между данными процессами представляет особый интерес [41]. Исследования, приведенные в статье Z.Li et al., подтвердили различия между составами кожного микробиома у молодых и пожилых людей [42].

В коже пожилых людей отмечается уменьшение размеров мелких сосудов, сальных и потовых желез, а также снижение запасов питательных веществ. Значительно снижается барьерная функция, понижается резистентность к патогенам внешней среды, а также способность сохранять общую целостность кожных покровов и поддерживать гомеостаз в системе человек–микробиом [43]. При этом показатель pH имеет тенденцию к повышению, сдвигая среду кожи к более щелочным значениям, что создает более благоприятные условия для патогенных микроорганизмов [44]. Кожа становится более сухой за счет снижения потоотделения и салообразования, что затрудняет удаление патогенной флоры с ее поверхности и защиту от ее воздействия [45]. Подобные изменения приводят к сокращению численности резидентных микроорганизмов, например типа *Firmicutes*, что, в свою очередь, влияет на регуляцию иммунных функций и снижение биосинтеза и метаболизма необходимых веществ: повышается восприимчивость к инфекциям, снижается активность антимикробных пептидов. Помимо этого, сокращаются популяции *Staphylococcus*, *Cutibacterium* и *Acinetobacter* [46], но увеличивается число *Corynebacterium*, *Proteobacteria*

и *Streptococcus*, что также может негативно влиять на состояние кожи возрастных людей [42].

Изменения микробиома в патологии

В некоторых случаях нарушения симбиотического состояния и соотношения бактериальных фракций микробиома могут привести к развитию заболеваний. Чрезмерное использование антибиотиков и нездоровое питание представляют серьезную опасность для состава микробиома, при этом дисбаланс в микробном сообществе может вызвать патологические состояния [47, 48]. Многие распространенные патологические состояния, включая хронические раневые процессы, инфекции кожи и мягких тканей, а также дерматологические заболевания, связаны с изменениями в микробиоме и называются дисбактериозами [49].

Понимание механизмов, лежащих в основе данных нарушений, влияющих на микробиом, и взаимодействия между микробиомом кожи и инфекционными агентами потенциально позволит использовать новые стратегии лечения заболеваний [47].

Изменения микробиома при заживлении ран

Как было описано выше, комменсальные организмы кожи находятся в постоянном взаимодействии с иммунной системой и, таким образом, участвуют в заживлении ран. C. Leonel et al. обобщили современные знания по данной проблеме, которые представляются несколько противоречивыми [50]. В одних исследованиях отмечается, что отсутствие комменсальных микроорганизмов на коже положительно влияет на закрытие раны во время заживления [51], в другом – присутствие *S. epidermidis* было отмечено как положительный фактор, связанный с нетрадиционными механизмами восстановления, характерными для комменсальных бактерий, через привлечение регуляторных CD8 Т-лимфоцитов и Toll-подобных рецепторов [52]. *S. epidermidis* активирует Toll-подобные рецепторы 2 для усиления реакции кератиноцитов на патогены и выделения антимикробных пептидов, а также ингибирует Toll-подобные рецепторы 3, активирующие воспаление, за счет чего помогает ускорить процесс заживления ран [7]. Таким образом, можно сделать вывод о благоприятном влиянии микробиома кожи и негативном эффекте дисбактериоза на процесс заживления ран. Однако, учитывая расхождения во мнениях, необходимо дальнейшее проведение исследований для более точного определения роли микробиома [32].

Изменения микробиома при инсулинорезистентности и хроническом раневом процессе

Этиология и патогенез инсулинорезистентности тесно связаны с микробиомом человека. Пациенты с нарушением баланса между инсулином и глюкозой демонстрируют смещенный состав микробиома в кишечнике, коже и других участках тела, отражающий дисбактериоз, характеризующийся измененным микробным альфа-разнообразием, снижением стабильности состава и большей изменчивостью. Нарушение структуры слизистой оболочки и кожного барьера кожи часто связано с инсулинорезистентностью, что дополнительно способно усугубить уже нарушенное соотношение резидентных микроорганизмов [14, 53].

Микробиота кожи, особенно специфические патогены, способствует инфекции хронических ран. Часто этот процесс связан с *S. aureus*, обладающей генами устойчивости к антибиотикам, и, как следствие, может привести к тяжелой инфекции кожи и мягких тканей. Штаммы *S. aureus* способны снижать барьерную функцию кожи и активировать патологические иммунные реакции как на ее поверхности, так и в организме в целом [5, 53]. Вместе с этим *Roseomonas mucosa* продемонстрировал способность к подавлению роста *S. aureus* как в экспериментальной модели, так и непосредственно на коже человека, способствуя выработке интерлейкина-6, показывая возможность восстановления новых штаммов в микробиоме кожи и использования их для улучшения дерматологических заболеваний [54].

S. aureus и *P. aeruginosa* наиболее часто выделяют из хронических ран. Ко-инфекция *S. aureus* и *P. aeruginosa* является наиболее опасной в сравнении с одиночными инфекциями, при этом численность *Staphylococcus* и анаэробных бактерий отрицательно коррелирует с глубиной раны: наблюдается положительная корреляция между удлинением раны, микробным разнообразием и численностью *P. aeruginosa* и отрицательная – с численностью *S. aureus*. Иначе говоря, *S. aureus*, как правило, ассоциируется с острыми поверхностными язвами, а *P. aeruginosa* и другие анаэробные бактерии обычно выявляются при глубоких хронических язвах. Кроме того, упомянутые микроорганизмы способны препятствовать заживлению значительных хронических язв в фазе воспаления. Они экспрессируют поверхностные белки и факторы вирулентности, ингибируя и замедляя процесс заживления ран [10, 55, 56].

Инфекция области хирургического вмешательства и микробиом

Резидентная флора области хирургического вмешательства является наиболее распространенным фактором, вызывающим инфекционные осложнения в послеоперационном периоде [57], однако это оспаривается J. Kleeff et al., которые утверждают, что микробиом кожи значительно реже вызывает развитие послеоперационных инфекций, и считают главной их причиной эндогенное загрязнение [28]. В целом наиболее часто ответственными за развитие инфекций области хирургического вмешательства являются: *S. aureus*, *Enterococcus*, *P. aeruginosa*, *E. coli*, *Streptococcus*, *Enterobacter*, *Proteus* sp., *K. pneumoniae* и *Serratia* sp. [28, 57]. В частности, *S. aureus* представляет особую опасность, так как демонстрирует относительную устойчивость к антимикробным пептидам, синтезируемым эпителиоцитами и фагоцитами. При этом повышение показателя pH до 6–7, негативно влияющее на большую часть представителей кожной флоры, создает более благоприятную среду для этой бактерии, а также для *Streptococcus pyogenes* [16, 58].

В работе L. Prieto-Borja et al. рассмотрена проблематика инфекционных осложнений в области установки дренажных систем у пациентов, перенесших оперативные вмешательства на брюшной полости. Одним из главных факторов риска развития данных осложнений является продолжительность использования дренажной системы, при этом наблюдается взаимосвязь между развитием инфекции и использованием дренажа в течение 3 и более дней. При микробио-

логическом исследовании наиболее часто выделялись группы возбудителей *Enterobacteriae* (*Enterobacter aerogenes*, *E. cloacae*, *E. coli*, *K. pneumoniae*, *Morganella morganii*), *P. aeruginosa*, а также представители родов *Candida* и *Enterococcus*. Коагулазоотрицательные стафилококки, несмотря на то что были наиболее распространенной изолированной группой бактерий, не были связаны с развитием инфекционных осложнений [59].

Варианты снижения микробной нагрузки на область хирургического вмешательства стали одними из основных направлений профилактики. Регулярное использование системных антибиотиков, направленных против данных микроорганизмов, было эффективным в снижении частоты послеоперационных осложнений [32, 57].

Взаимосвязь кожного и кишечного микробиомов

Дополнительно следует выделить связь между микробиомами кожи и кишечника, при этом некоторые исследователи предлагают рассматривать их как единую систему [60]. Кожный и кишечный барьеры, действительно, во многом похожи: они имеют схожее строение и постоянно контактируют с внешней средой [61]. Высокая скорость клеточного обновления эпителиальных тканей кожи и кишечника снижает адгезию транзитной флоры и риск развития инфекционных процессов [5]. Микробиом кишечника влияет на кожу и другие системы органов. Подобная связь обеспечивается за счет иммунной системы и необходима для поддержания гомеостаза и регуляции местных иммунологических реакций [61–63]. Среди возможных механизмов данного влияния можно выделить регуляцию внекишечных Т-клеток, развитие пероральной иммунной толерантности через регуляторные Т-клетки, синтез короткоцепочечных жирных кислот, а также регуляцию иммунных и воспалительных реакций. Кишечный микробиом и его метаболиты индуцируют иммунокомпетентные клетки и цитокины, которые с кровью и лимфой попадают в системный кровоток и распространяются по всему организму [64].

Существует двунаправленная связь между дисбактериозом кишечника и кожи. Многие исследования подтверждают, что дисбаланс кишечного микробиома тесно связан с измененным иммунным ответом и способен приводить к различным заболеваниям кожи [7, 8], в свою очередь, многие воспалительные заболевания кожи могут приводить к изменениям микробиома кишечника [5]. D.Yan et al., а также X.Zhang et al. выявили существенные отличия в составе микробной флоры кишечника у здоровых людей и больных псориазом, у последних было изменено соотношение популяций *Firmicutes* и *Bacteroidetes* [65, 66].

Заключение

Исследования показывают, что кожа тесно связана с заселяющим ее микробиомом и микробное сообщество, персистирующее на ее поверхности, обладает большим потенциалом влияния на здоровье человека. Особый интерес кожный микробиом представляет в хирургической практике, так как в случае оперативного лечения неизбежным является нарушение целостности кожного покрова и, как следствие, повреждение внутрисистемного гомеостаза.

Более детальное исследование колонизирующих кожу микроорганизмов может способствовать более эффективной диагностике и выявлению взаимосвязей между состоянием микробиома и патогенезом инфекционных осложнений области хирургического вмешательства, а также разработке более эффективных методов их профилактики и лечения.

Информация о финансировании

Работа выполнена в рамках бюджетного финансирования.

Financial support

The work was carried out within the framework of budgetary financing.

Конфликт интересов

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Conflict of interest

The authors declare no conflict of interests.

Литература / References

1. Lee HJ, Kim M. Skin Barrier Function and the Microbiome. *Int J Mol Sci*. 2022 Oct 28;23(21):13071. DOI: 10.3390/ijms232113071
2. Gallo RL. Human Skin Is the Largest Epithelial Surface for Interaction with Microbes. *J Invest Dermatol*. 2017 Jun;137(6):1213-1214. DOI: 10.1016/j.jid.2016.11.045
3. Byrd AL, Belkaid Y, Segre JA. The human skin microbiome. *Nat Rev Microbiol*. 2018 Mar;16(3):143-155. DOI: 10.1038/nrmicro.2017.157
4. Bates M. The Role of the Skin Microbiome in Health and Disease. *IEEE Pulse*. 2022 Jul-Aug;13(4):8-13. DOI: 10.1109/MPULS.2022.3191384
5. Yang Y, Qu L, Mijakovic I, Wei Y. Advances in the human skin microbiota and its roles in cutaneous diseases. *Microb Cell Fact*. 2022 Aug 29;21(1):176. DOI: 10.1186/s12934-022-01901-6
6. Ueroi A, Bartow-McKenney C, Zheng Q, Flowers L, Campbell A, Knight SAB, et al. Commensal microbiota regulates skin barrier function and repair via signaling through the aryl hydrocarbon receptor. *Cell Host Microbe*. 2021 Aug 11;29(8):1235-1248.e8. DOI: 10.1016/j.chom.2021.05.011
7. Habeebuddin M, Karnati RK, Shiroorkar PN, Nagaraja S, Asdaq SMB, Khalid Anwer M, et al. Topical Probiotics: More Than a Skin Deep. *Pharmaceutics*. 2022 Mar 3;14(3):557. DOI: 10.3390/pharmaceutics14030557
8. Skowron K, Bauza-Kaszewska J, Kraszewska Z, Wiktorczyk-Kapischke N, Grudlewska-Buda K, Kwiecińska-Piróg J, et al. Human Skin Microbiome: Impact of Intrinsic and Extrinsic Factors on Skin Microbiota. *Microorganisms*. 2021 Mar 5;9(3):543. DOI: 10.3390/microorganisms9030543
9. Olunoiki E, Rehner J, Bischoff M, Koshel E, Vogt T, Reichrath J, et al. Characteristics of the Skin Microbiome in Selected Dermatological Conditions: A Narrative Review. *Life (Basel)*. 2022 Sep 12;12(9):1420. DOI: 10.3390/life12091420
10. Zhu Y, Yu X, Cheng G. Human skin bacterial microbiota homeostasis: A delicate balance between health and disease. *mLife*. 2023 Jun 4;2(2):107-120. DOI: 10.1002/mlf2.12064
11. Zheng Y, Hunt RL, Villaruz AE, Fisher EL, Liu R, Liu Q, et al. Commensal *Staphylococcus epidermidis* contributes to skin barrier homeostasis by generating protective ceramides. *Cell Host Microbe*. 2022 Mar 9;30(3):301-313.e9. DOI: 10.1016/j.chom.2022.01.004
12. Nakatsuji T, Chen TH, Butcher AM, Trzoss LL, Nam S-J, Shirakawa KT, et al. A commensal strain of *Staphylococcus epidermidis* protects against skin neoplasia. *Sci Adv*. 2018;4:eaa04502. DOI: 10.1126/sciadv.aao4502

13. Nakatsuji T, Gallo RL. The role of the skin microbiome in atopic dermatitis. *Ann Allergy Asthma Immunol*. 2019;122:263-269. DOI: 10.1016/j.anai.2018.12.003
14. Zhou X, Shen X, Johnson JS, Spakowicz DJ, Agnello M, Zhou W, et al. Longitudinal profiling of the microbiome at four body sites reveals core stability and individualized dynamics during health and disease. *Cell Host Microbe*. 2024 Apr 10;32(4):506-526.e9. DOI: 10.1016/j.chom.2024.02.012
15. Gardiner M, Vicaretti M, Sparks J, Bansal S, Bush S, Liu M, et al. A longitudinal study of the diabetic skin and wound microbiome. *Peer J*. 2017 Jul 20;5:e3543. DOI: 10.7717/peerj.3543
16. Морозов АМ, Беляк МА, Соболев ЕА, Пискарева МЕ, Морозова АД. Анализ микробиоты кожи пациента и его роль в клинической практике. *Врач*. 2023;34(2):10-14. / Morozov AM, Belyak MA, Sobol EA, Piskareva ME, Morozova AD. Skin microbiota analysis in a patient and its role in clinical practice. *Vrach*. 2023;34(2):10-14. DOI: 10.29296/25877305-2023-02-02 (In Russian).
17. Dréno B, Arviiskaia E, Berardesca E, Gontijo G, Sanchez Viera M, Xiang LF, et al. Microbiome in healthy skin, update for dermatologists. *J Eur Acad Dermatol Venereol*. 2016 Dec;30(12):2038-2047. DOI: 10.1111/jdv.13965
18. Ruuskanen MO, Erawijantari PP, Havulinna AS, Liu Y, Méric G, Tuomilehto J, et al. Gut Microbiome Composition Is Predictive of Incident Type 2 Diabetes in a Population Cohort of 5,572 Finnish Adults. *Diabetes Care*. 2022 Apr 1;45(4):811-818. DOI: 10.2337/dc21-2358
19. Prescott SL, Larcombe DL, Logan AC, West C, Burks W, Caraballo L, et al. The skin microbiome: Impact of modern environments on skin ecology, barrier integrity, and systemic immune programming. *World Allergy Organ. J*. 2017;10:29. DOI: 10.1186/s40413-017-0160-5
20. Roswall J, Olsson LM, Kovatcheva-Datchary P, Nilsson S, Tremaroli V, Simon MC, et al. Developmental trajectory of the healthy human gut microbiota during the first 5 years of life. *Cell Host Microbe*. 2021 May 12;29(5):765-776.e3. DOI: 10.1016/j.chom.2021.02.021
21. Zhang XE, Zheng P, Ye SZ, Ma X, Liu E, Pang YB, et al. Microbiome: Role in Inflammatory Skin Diseases. *J Inflamm Res*. 2024 Feb 15;17:1057-1082. DOI: 10.2147/JIR.S441100
22. Lloyd-Price J, Arze C, Ananthakrishnan AN, Schirmer M, Avila-Pacheco J, Poon TW, et al. Multi-omics of the gut microbial ecosystem in inflammatory bowel diseases. *Nature*. 2019 May;569(7758):655-662. DOI: 10.1038/s41586-019-1237-9
23. Nielsen MC, Jiang SC. Alterations of the human skin microbiome after ocean water exposure. *Mar Pollut Bull*. 2019 Aug;145:595-603. DOI: 10.1016/j.marpolbul.2019.06.047
24. Cundell AM. Microbial Ecology of the Human Skin. *Microb. Ecol*. 2018;76:113-120. DOI: 10.1007/s00248-016-0789-6
25. Tanaka K, Mikami T, Ebata Y, Kato H, Miyano G, Ishii J, et al. Umbilical microflora and pediatric surgery. *Pediatr Surg Int*. 2022 Feb;38(2):345-349. DOI: 10.1007/s00383-021-05026-6
26. Aiolfi A, Asti E, Costa E, Ferrari D, Bonitta G, Gaia P, et al. Umbilical Microbiome and Laparoscopic Surgery: A Descriptive Clinical Study. *J Laparoendosc Adv Surg Tech A*. 2018 Oct;28(10):1196-1201. DOI: 10.1089/lap.2018.0140
27. Yano T, Okajima T, Tsuchiya S, Tsujimura H. Microbiota in Umbilical Dirt and Its Relationship with Odor. *Microbes Environ*. 2023;38(3):ME23007. DOI: 10.1264/jsme2.ME23007
28. Kleeff J, Erkan M, Jäger C, Menacher M, Gebhardt F, Hartel M. Umbilical Microflora, Antiseptic Skin Preparation, and Surgical Site Infection in Abdominal Surgery. *Surg Infect (Larchmt)*. 2015 Aug;16(4):450-4. DOI: 10.1089/sur.2014.163
29. Anderson PM, Frank T, Herz M, Kurza O, Rudert M, Heinz T, et al. Qualitative Comparison of Cultured Skin Microbiota From the Inguinal Region of Obese and Nonobese Patients Eligible for Hip Arthroplasty. *Arthroplast Today*. 2024 Oct 12;30:101483. DOI: 10.1016/j.artd.2024.101483
30. Buchalter DB, Teo GM, Kirby DJ, Aggarwal VK, Long WJ. Surgical Approach to Total Hip Arthroplasty Affects the Organism Profile of Early Periprosthetic Joint Infections. *JB JS Open Access*. 2020 Nov 25;5(4):e20.00111. DOI: 10.2106/JBJS.OA.20.00111
31. Prast-Nielsen S, Tobin AM, Adamzik K, Powles A, Hugerth LW, Sweeney C, et al. Investigation of the skin microbiome: swabs vs. biopsies. *Br J Dermatol*. 2019 Sep;181(3):572-579. DOI: 10.1111/bjd.17691
32. Boxberger M, Cenizo V, Cassir N, La Scola B. Challenges in exploring and manipulating the human skin microbiome. *Microbiome*. 2021 May 30;9(1):125. DOI: 10.1186/s40168-021-01062-5
33. Luna PC. Skin Microbiome as Years Go By. *Am J Clin Dermatol*. 2020 Sep;21(Suppl 1):12-17. DOI: 10.1007/s40257-020-00549-5
34. Jo J-H, Deming C, Kennedy EA, Conlan S, Polley EC, Ng W-I, et al. Diverse human skin fungal communities in children converge in adulthood. *J Investigative Dermatol*. 2016;136:2356-2363. DOI: 10.1016/j.jid.2016.05.130
35. Leung MHY, Wilkins D, Lee PKH. Insights into the pan-microbiome: skin microbial communities of Chinese individuals differ from other racial groups. *Sci Rep*. 2015;5:11845. DOI: 10.1038/srep11845
36. Prohic A, Simic D, Sadikovic TJ, Krupalija-Fazlic M. Distribution of *Malassezia* species on healthy human skin in Bosnia and Herzegovina: correlation with body part, age and gender. *Iran J Microbiol*. 2014;6:253-262.
37. Oh J, Conlan S, Polley EC, Segre JA, Kong HH. Shifts in human skin and nares microbiota of healthy children and adults. *Genom Med*. 2012;4:77. DOI: 10.1186/gm378
38. Callewaert C, Kerckhof F-M, Granitsiotis MS, Van Gele M, Van de Wiele T, Boon N. Characterization of *Staphylococcus* and *Corynebacterium* clusters in the human axillary region. van Schaik W, editor. *PLoS ONE*. 2013;8:e70538. DOI: 10.1371/journal.pone.0070538
39. Li M, Budding AE, van der Lugt-Degen M, Du-Thumm L, Vandeven M, Fan A. The influence of age, gender and race/ethnicity on the composition of the human axillary microbiome. *Int J Cosmetic Sci*. 2019;41(4):371-7. DOI: 10.1111/ics.12549
40. Wang Y, Yu Q, Zhou R, Feng T, Hilal MG, Li H. Nationality and body location alter human skin microbiome. *Appl Microbiol Biotechnol*. 2021 Jun;105(12):5241-5256. DOI: 10.1007/s00253-021-11387-8
41. Oh J, Byrd AL, Park M. NISC Comparative Sequencing Program, Kong HH, Segre JA. Temporal stability of the human skin microbiome. *Cell*. 2016;165:854-866. DOI: 10.1016/j.cell.2016.04.008
42. Li Z, Bai X, Peng T, Yi X, Luo L, Yang J, et al. New Insights Into the Skin Microbial Communities and Skin Aging. *Front Microbiol*. 2020 Oct 26;11:565549. DOI: 10.3389/fmicb.2020.565549
43. Woo YR, Kim HS. Interaction between the microbiota and the skin barrier in aging skin: a comprehensive review. *Front Physiol*. 2024 Jan 19;15:1322205. DOI: 10.3389/fphys.2024.1322205
44. Howard B, Bascom CC, Hu P, Binder RL, Fadaye G, Huggins TG, et al. Aging-Associated Changes in the Adult Human Skin Microbiome and the Host Factors that Affect Skin Microbiome Composition. *J Invest Dermatol*. 2022 Jul;142(7):1934-1946.e21. DOI: 10.1016/j.jid.2021.11.029
45. Zhai W, Huang Y, Zhang X, Fei W, Chang Y, Cheng S, et al. Profile of the skin microbiota in a healthy Chinese population. *J Dermatol*. 2018 Nov;45(11):1289-1300. DOI: 10.1111/1346-8138.14594
46. Dimitriu PA, Iker B, Malik K, Leung H, Mohn WW, Hillebrand GG. New Insights into the Intrinsic and Extrinsic Factors That Shape the Human Skin Microbiome. *mBio*. 2019 Jul 2;10(4):e00839-19. DOI: 10.1128/mBio.00839-19
47. Šuler Baglama Š, Trčko K. Skin and gut microbiota dysbiosis in autoimmune and inflammatory skin diseases. *Acta Dermatovenereol Alp Pannonica Adriat*. 2022 Sep;31(3):105-109.
48. Muszer M, Noszczyńska M, Kasperkiewicz K, Skurnik M. Human Microbiome: When a Friend Becomes an Enemy. *Arch Immunol Ther Exp (Warsz)*. 2015 Aug;63(4):287-98. DOI: 10.1007/s00005-015-0332-3
49. Mazur M, Tomczak H, Lodyga M, Czajkowski R, Żaba R, Adamski Z. The microbiome of the human skin and its variability in psoriasis and atopic dermatitis.

- Postepy Dermatol Alergol. 2021 Apr;38(2):205-209. DOI: 10.5114/ada.2021.106197
50. Leonel C, Sena IFG, Silva WN, Prazeres PHDM, Fernandes GR, Mancha Agresti P, et al. *Staphylococcus epidermidis* role in the skin microenvironment. J Cell Mol Med. 2019;23:5949-5955. DOI: 10.1111/jcmm.14415
51. Canesso MC, Vieira AT, Castro TB, Schirmer BG, Cisalpino D, Martins FS, et al. Skin wound healing is accelerated and scarless in the absence of commensal microbiota. J Immunol. 2014 Nov 15;193(10):5171-80. DOI: 10.4049/jimmunol.1400625
52. Linehan JL, Harrison OJ, Han S-J, Byrd AL, Vujkovic-Cvijin I, Villarino AV, et al. Non-classical immunity controls microbiota impact on skin immunity and tissue repair. Cell. 2018;172:784-796. DOI: 10.1016/j.cell.2017.12.033
53. Tong SY, Davis JS, Eichenberger E, Holland TL, Fowler VG Jr. *Staphylococcus aureus* infections: epidemiology, pathophysiology, clinical manifestations, and management. Clin Microbiol Rev. 2015 Jul;28(3):603-61. DOI: 10.1128/CMR.00134-14
54. Romano-Bertrand S, Bourdier A, Aujoulat F, Michon AL, Masnou A, Parer S, et al. Skin microbiota is the main reservoir of *Roseomonas mucosa*, an emerging opportunistic pathogen so far assumed to be environmental. Clin Microbiol Infect. 2016 Aug;22(8):737.e1-7. DOI: 10.1016/j.cmi.2016.05.024
55. Serra R, Grande R, Butrico L, Rossi A, Settimio UF, Caroleo B, et al. Chronic wound infections: the role of *Pseudomonas aeruginosa* and *Staphylococcus aureus*. Expert Rev Anti Infect Ther. 2015 May;13(5):605-13. DOI: 10.1586/14787210.2015.1023291
56. Malone M, Johani K, Jensen SO, Gosbell IB, Dickson HG, Hu H, et al. Next Generation DNA Sequencing of Tissues from Infected Diabetic Foot Ulcers. EBioMedicine. 2017 Jul;21:142-149. DOI: 10.1016/j.ebiom.2017.06.026
57. Stone J, Bianco A, Monro J, Overbey JR, Cadet J, Choi KH, et al. Study To Reduce Infection Prior to Elective Cesarean Deliveries (STRIPES): a randomized clinical trial of chlorhexidine. Am J Obstet Gynecol. 2020 Jul;223(1):113.e1-113.e11. DOI: 10.1016/j.ajog.2020.05.021
58. Захарова ИН, Касьянова АН. Микробиом кожи: что нам известно сегодня? Медицинский совет. 2019;17:168-76. / Zakharova IN, Kas'yanova AN. Skin microbiome: What is known today? Medical Council. 2019;17:168-76. DOI: 10.21518/2079-701X-2019-17-168-176 (In Russian).
59. Prieto-Borja L, Pérez-Tanoira R, Levano-Linares DC, Celdrán A, Mahillo-Fernández I, Esteban J. Sonication of Abdominal Drains: Clinical Implications of Quantitative Cultures for the Diagnosis of Surgical Site Infection. Surg Infect (Larchmt). 2016 Aug;17(4):459-64. DOI: 10.1089/sur.2015.268
60. Hadian Y, Fregoso D, Nguyen C, Bagoood MD, Dahle SE, Gareau MG, et al. Microbiome-skin-brain axis: A novel paradigm for cutaneous wounds. Wound Repair Regen. 2020 May;28(3):282-292. DOI: 10.1111/wrr.12800
61. De Pessemier B, Grine L, Debaere M, Maes A, Paetzold B, Callewaert C. Gut-Skin Axis: Current Knowledge of the Interrelationship between Microbial Dysbiosis and Skin Conditions. Microorganisms. 2021 Feb 11;9(2):353. DOI: 10.3390/microorganisms9020353
62. Salem I, Ramser A, Isham N, Ghannoum MA. The gut microbiome as a major regulator of the gut-skin axis. Front Microbiol. 2018;9:1459. DOI: 10.3389/fmicb.2018.01459
63. Szántó M, Dózsa A, Antal D, Szabó K, Kemény L, Bai P. Targeting the gut-skin axis-Probiotics as new tools for skin disorder management? Exp Dermatol. 2019;28:1210-1218. DOI: 10.1111/exd.14016
64. Chunxi L, Haiyue L, Yanxia L, Jianbing P, Jin S. The Gut Microbiota and Respiratory Diseases: New Evidence. J Immunol Res. 2020 Jul 31;2020:2340670. DOI: 10.1155/2020/2340670
65. Yan D, Issa N, Afifi L, Jeon C, Chang HW, Liao W. The Role of the Skin and Gut Microbiome in Psoriatic Disease. Curr Dermatol Rep. 2017 Jun;6(2):94-103. DOI: 10.1007/s13671-017-0178-5
66. Zhang X, Shi L, Sun T, Guo K, Geng S. Dysbiosis of gut microbiota and its correlation with dysregulation of cytokines in psoriasis patients. BMC Microbiol. 2021;21:78. DOI: 10.1186/s12866-021-02125-1

Информация о соавторах:

Сергеев Алексей Николаевич, доктор медицинских наук, доцент, заведующий кафедрой общей хирургии Тверского государственного медицинского университета; врач-хирург Городской клинической больницы №7 Министерства здравоохранения Тверской области
ORCID: 0000-0002-9657-8063

Червинец Юлия Вячеславовна, доктор медицинских наук, профессор, заведующая кафедрой микробиологии и вирусологии с курсом иммунологии Тверского государственного медицинского университета
ORCID: 0000-0001-9209-7839

Пискарева Мария Евгеньевна, студентка
Тверского государственного медицинского университета
ORCID: 0000-0002-4329-2539

Information about co-authors:

Alexey N. Sergeev, MD, PhD, DSc, Associate Professor, Head of the Department of General Surgery Tver State Medical University; Surgeon at Municipal Clinical Hospital No 7, Ministry of Health of the Tver Region
ORCID: 0000-0002-9657-8063

Yulia V. Chervinets, MD, PhD, DSc, Professor, Head of the Department of Microbiology and Virology with a course in Immunology, Tver State Medical University
ORCID: 0000-0001-9209-7839

Maria E. Piskareva, student of Tver State Medical University
ORCID: 0000-0002-4329-2539