

УДК 579.873.2+612.79+616.5-002.2+612.017.1-07-08-092.6

DOI: 10.56871/RBR.2025.70.84.009

МИКРОБИОТА КОЖНЫХ ПОКРОВОВ ЧЕЛОВЕКА И ЕЕ ВЛИЯНИЕ НА ТЕЧЕНИЕ АТОПИЧЕСКОГО ДЕРМАТИТА

© Александра Юрьевна Пырх, Дмитрий Павлович Гладин,
Анна Николаевна Андреева, Анна Николаевна Косова

Санкт-Петербургский государственный педиатрический медицинский университет. 194100, г. Санкт-Петербург, ул. Литовская, д. 2, Российская Федерация

Контактная информация: Александра Юрьевна Пырх — старший лаборант, аспирант кафедры патологической физиологии.

E-mail: apyrkh@yandex.ru ORCID: <https://orcid.org/0009-0001-4761-5067>

Для цитирования: Пырх А.Ю., Гладин Д.П., Андреева А.Н., Косова А.Н. Микробиота кожных покровов человека и ее влияние на течение атопического дерматита. Российские биомедицинские исследования. 2025;10(2):84–92. DOI: <https://doi.org/10.56871/RBR.2025.70.84.009>

Поступила: 21.03.2025

Одобрена: 08.05.2025

Принята к печати: 24.06.2025

Резюме. Кожа человека представляет собой самый обширный орган, который выполняет множество функций. Состояние кожи существенно влияет на качество жизни человека. Современная аллергология и дерматология достигли значимого развития в диагностике и лечении заболеваний кожи. Кожа является средой обитания для разнообразных популяций микроорганизмов: вирусов, бактерий, грибов. Изменение микробного состава кожи влияет на ее функциональную составляющую. Микробиота кожи может изменяться при воздействии различных факторов: пол, возраст, применяемые средства ухода. Болезни кожи могут возникать вследствие воздействия экзогенных факторов (физических, механических, химических, биологических и инфекционных). Самое неблагоприятное воздействие в современном мире на микробиоту кожи оказывают косметические препараты. Косметические средства влияют на структуру самих микроорганизмов на поверхности дермы. Кроме экзогенных факторов, в изменении микробиологического состава кожи участвуют и эндогенные факторы, способные изменить состояние кожного покрова: болезни крови, иммунодефицитные состояния, стрессы, генетические факторы и интеркуррентные заболевания. В современных исследованиях все больше внимания уделяется изучению роли микробиоты кожи человека в развитии дерматозов, например атопического дерматита. При атопическом дерматите повышается количество *S. aureus* и *S. epidermidis*. Больные с атопическим дерматитом имеют ослабленный кожный иммунитет, обусловленный жизнедеятельностью *S. aureus*. В обзоре также представлены современные данные о составе здоровой микробиоты кожи, продемонстрированы механизмы его влияния на течение различных заболеваний. Проанализирована роль нарушения состава микробиоты в развитии хронических заболеваний кожи, включая атопический дерматит.

Ключевые слова: микробиота, кожа, атопический дерматит

DOI: 10.56871/RBR.2025.70.84.009

SKIN MICROBIOTA AND ITS INFLUENCE UPON THE DEVELOPMENT OF ATOPIC DERMATITIS

© Aleksandra Yu. Pyrh, Dmitry P. Gladin,
Anna N. Andreeva, Anna N. Kosova

Saint Petersburg State Pediatric Medical University. 2 Lithuania Saint Petersburg 194100 Russian Federation

Contact information: Aleksandra Yu. Pyrh — Senior laboratory assistant, postgraduate student of the Department of Pathological Physiology.
E-mail: apyrkh@yandex.ru ORCID: <https://orcid.org/0009-0001-4761-5067>

For citation: Pyrh AY, Gladin DP, Andreeva AN, Kosova AN. Skin microbiota and its influence upon the development of atopic dermatitis. Russian Biomedical Research. 2025;10(2):84–92. DOI: <https://doi.org/10.56871/RBR.2025.70.84.009>

Received: 21.03.2025

Revised: 08.05.2025

Accepted: 24.06.2025

Abstract. Human skin is the largest organ that performs many functions. Skin condition significantly affects the quality of human life. Modern allergology and dermatology have made significant progress in diagnosing and treating skin diseases. Skin is a habitat for various populations of microorganisms: viruses, bacteria, fungi. Changes in the microbial composition of the skin affect its functional component. Skin microbiota can change under the influence of various factors: gender, age, used care products. Skin diseases can occur due to the influence of exogenous factors (physical, mechanical, chemical, biological and infectious). Cosmetics have the most adverse effect on skin microbiota in the modern world. Cosmetics affect the structure of the microorganisms themselves on the surface of the dermis. In addition to exogenous factors, endogenous factors that can change the condition of the skin also participate in changing the microbiological composition of the skin: blood diseases, immunodeficiency states, stress, genetic factors and intercurrent diseases. In modern studies, more and more attention is paid to the study of the role of human skin microbiota in the development of a number of dermatoses: atopic dermatitis. In atopic dermatitis, the number of *S.aureus* and *S.epidermidis* increases. Patients with AD have weakened skin immunity due to the activity of *S.aureus*. The review also presents modern data on the composition of healthy skin microbiota, and demonstrates the mechanisms of its influence on the course of various diseases. The role of microbiota imbalance in the development of chronic skin diseases, including atopic dermatitis, is analyzed.

Keywords: microbiota, skin, atopic dermatitis

ВВЕДЕНИЕ

Кожа является самым обширным по площади человеческим органом и самой незащищенной частью нашего тела. Состояние кожи существенно влияет на качество жизни человека, в частности на его успех в профессиональной деятельности. Благодаря совершенствованию технологий и накопленному опыту современная дерматология и аллергология смогли достигнуть существенного развития в лечении и диагностике различных патологических заболеваний кожи [1, 2].

Микробиота — совокупность различных групп микроорганизмов, заселяющих кожу человека. Важными функциями кожи являются защитная и иммунная. При изменении микробного состава и строения изменяется и функциональная составляющая, поэтому важно знать строение кожи в норме и при патологических состояниях для возможности ранней диагностики, профилактики различных заболеваний и проведения рационального и персонализированного, индивидуально подобранного лечения [3, 4].

На микробиоту кожи воздействуют различные факторы, такие как возраст, пол, климатические особенности, профессия, используемые косметические и гигиенические средства [5, 6].

Мы считали нашей задачей при написании этого обзора систематизировать знания о микробиотическом составе кожи человека и ее изменчивости при воздействии внешних и внутренних факторов окружающей среды, при наличии сопутствующего заболевания — атопического дерматита, а также о взаимовлиянии изменений кожной микробиоты и развития атопического дерматита.

МИКРОБИОТА КОЖНЫХ ПОКРОВОВ ЧЕЛОВЕКА И ЕЕ ВЛИЯНИЕ НА ТЕЧЕНИЕ АТОПИЧЕСКОГО ДЕРМАТИТА

Кожа человека представляет собой самый протяженный и в то же время сложный орган, который выполняет множество функций. Кожный барьер имеет решающее значение для выживания, предотвращая потерю влаги и проникновение инфекционных или токсических веществ. Кожа — это система, тесно связанная с внутренней средой организма и внешней окружающей средой. Она является сложной средой обитания для разнообразных популяций микробиоты [7, 8]. Рассматривая нормальное состояние кожи, идеальное для существования непатогенной или условно-патогенной микрофлоры, необходимо отметить несколько физико-химических показателей — pH, влажность, частая травматизация, температура и количество жировых включений. В норме реакция кожных покровов кислая, и постоянство данного показателя очень важно, т.к. при смещении pH в щелочную сторону создаются благоприятные условия для размножения патогенных микроорганизмов. Влажность играет важную роль в видовом разнообразии микробиоты. Существенное повышение влажности будет способствовать колонизации грибкового компонента патогенной микрофлоры. При понижении же влажности

на коже появляются трещины и, как следствие, снижается защитная функция кожи. При этом микрофлора (условно-патогенная) радикально не меняет свой состав, но может инфицировать участок «растрескавшейся» кожи. Температура кожных покровов является условием для поддержания нормального состава микрофлоры. Как повышение, так и понижение температуры будет влиять на количество непатогенных представителей. Изменение липидного показателя важно при рассмотрении кожи человека в подростковый период. Данный показатель имеет большое значение в процессе образования подросткового акне [9, 10].

Состав микробиома кожи разнообразен и включает бактерии, вирусы, грибы и паразиты. На сегодняшний день наиболее изучен состав бактериальной микробиоты кожи. Бактериальные клетки значительно превосходят по численности клетки человека: по оценкам, в среднем в организме человека весом 70 кг присутствует $3,8 \times 10^{13}$ бактериальных клеток [11]. Кожа является вторым органом (после желудочно-кишечного тракта) по численности микроорганизмов. Плотность микробиома кожи составляет 1 млн бактерий на 1 см² кожного покрова [11, 12].

К настоящему времени известно 19 таксономических филов микроорганизмов, определяющихся на коже. Среди них преобладающими микроорганизмами являются *Staphylococcus epidermis*, *Staphylococcus aureus*, *Micrococcus* spp., *Sarcina* spp., *Propionibacterium* spp., представители *Firmicutes*, *Bacteroidetes*, *Proteobacteria*, *Actinobacteria* и *Corynebacterium*. Транзиторными микроорганизмами, временно персистирующими на поверхности кожи, являются *Peptococcus* spp., *Bacillus subtilis*, *Escherichia coli*, *Enterobacter* spp., *Acinetobacter* spp., *Lactobacillus* spp. и *Candida albicans*. К условно-патогенным микроорганизмам, постоянно находящимся на поверхности кожи, можно отнести *Staphylococcus aureus* и *Staphylococcus saprophyticus*. Грибковый компонент чаще представлен родами *Malassezia* и *Candida*. Транзиторно на коже могут находиться вирусы. Все эти представители существуют в симбиозе друг с другом, образуя единую экосистему, которая с носителем — человеком — имеет комменсальные отношения [13, 14].

Различные области кожи имеют свой собственный набор микроорганизмов. Липофильные микроорганизмы, такие как *Propionibacterium* и *Staphylococcus aureus*, больше преобладают на участках кожи, где повышена продукция сальных желез. К таким участкам относят крылья носа, подбородок, лоб, кожу затылка. В области сальных желез помимо бактерий встречается большое количество грибов *Malassezia*, липофильные дрожжи и клещи рода *Demodex*. На участках дермы повышенной влажности преобладают представители *Corynebacterium*, отвечающие за сильный запах в подмышечных впадинах. Стафилококки используют мочевины из выделений впадин как источник азота. Места наиболее повышенной влажности кожи — это стопы, область пупка, подмышечные впадины, паховые складки, а также подколенные ямки. На участках сухой кожи, таких как ягодицы, предплечья, встречаются представи-

тели *Bacteroides* и *Proteobacteria*. Особенность кожи волосяной части головы — преобладание в микрофлоре грибов рода *Malassezia* [15–17].

Одним из сложных вопросов является изменение нормальной микрофлоры в зависимости от возраста. Микробиота заселяется на кожных покровах уже с первых дней жизни. При этом наибольшее влияние на формирование микробиоты кожи оказывают варианты родоразрешения. При рождении вагинальным путем микрофлора кожи плода будет сходна с микрофлорой влагалища матери. При этом на коже ребенка будут преобладать представители *Lactobacillus*, *Sneathia*, *Corynebacterium* и *Propionibacterium*. При рождении же с помощью кесарева сечения микробиота новорожденного будет идентична микробиоте кожи живота матери, и будет отмечаться преобладание представителей *Corynebacterium* и *Staphylococcus*. Возможны различия в составе микробиоты кожи между ребенком, прошедшим полный внутриутробный цикл, и между новорожденным, срок вынашивания которого меньше 37 недель. На коже недоношенных детей присутствует большее количество таких бактерий, как *Staphylococcus*, *Corynebacterium*, *Flavobacterium* [18, 19].

В период полового созревания происходит изменение состава микрофлоры кожи [20]. В данном возрасте на кожных покровах наиболее часто встречаются представители *Bacteroidetes*, *Cutibacterium*. Увеличивается количество патогенных *Propionibacterium acnes* на коже, которые наблюдаются при развитии угревой сыпи. Помимо всего прочего, в подростковом возрасте усиливается продукция кожного сала и за счет этого повышается количество липофильных представителей — *Propionibacterium* и *Staphylococcus aureus* [21–23].

Здоровая кожа взрослого человека может включать в себя всех перечисленных выше представителей. Статистически чаще всего на здоровой коже взрослого человека преобладает *Actinobacteria* — 40%, *Firmicutes* — 36,6%, *Proteobacteria* — 20%, и в меньшей степени *Bacteroidetes* [24]. У молодых людей микрофлора кожи более разнообразна по сравнению с пожилыми людьми. На данный параметр также может воздействовать и место проживания человека, так как состав воздуха и его свойства различаются в сельской и городской местности. У людей в возрасте, обитающих в сельской местности, наиболее часто встречаются на коже *Proteobacteria* [25]. У молодых людей, проживающих в городе, преобладают представители *Enterobacteria seace*, а на сухих участках кожи — *Cutibacterium*. В семье, проживающей в одном доме, сходны представители микроорганизмов на коже. Кожный покров домашних питомцев имеет такие же бактериальные сообщества, что и у хозяев [26, 27].

До недавнего времени считалось, что бактерии живут только на поверхности кожи и в естественных участках ее углубления, таких как волосяные фолликулы. Однако недавние исследования показали, что бактерии могут быть найдены и в более глубоких слоях, включая дерму и подкожный жировой слой, которые ранее считались абсолютно стерильными [28, 29].

Грибы — еще одна важная группа микроорганизмов, населяющих кожу. Совокупность грибов кожи образует микобиом. Исследования показывают, что преобладающими грибами кожи являются виды *Malassezia*, липофильные дрожжи, населяющие в основном сальные участки кожи. Так же, как и бактериям, грибам присуще топографическое различие. Так, например, на стопах присутствует относительно большое число грибов родов *Aspergillus*, *Cryptococcus* и *Candida*, при этом они признаны частью нормального микробиома данной локализации. Но в целом количество грибов на коже человека минимально [30]. При этом грибковые микроорганизмы чаще остальных бывают вовлечены в дерматологические заболевания [27]. Проблемы, которые существуют в настоящее время при изучении микобиома, включают относительно низкую численность грибов, а также ограниченное количество общедоступных эталонных методов изучения грибкового разнообразия по сравнению с таковыми для бактерий.

Кожный виром является еще одной областью активных исследований. Вирусы, идентифицированные в настоящее время на коже, включают бактериофаги, папилломавирусы человека и полиомавирус клеток Меркеля [31–33]. В отличие от бактерий и грибов, распространение вирусов специфично для определенного человека, а не для анатомической ниши [30]. Исследования кожного виroma человека также затруднительны, поскольку вирусные геномы малы по сравнению с бактериальными, грибковыми и паразитными геномами, и последовательности, составляющие вирусные геномы, могут быть перегружены всеми остальными, более крупными, обнаруживаемыми в образцах кожи человека [34].

На изменение состояния нормальной микрофлоры и развитие патогенной влияет огромное количество факторов, способных изменить структуру кожи, физико-химические свойства и функцию. Болезни кожи могут возникать вследствие воздействия экзогенных факторов (физических, механических, химических, биологических и инфекционных) [10, 35]. Самое большое неблагоприятное воздействие в современном мире на микробиоту кожи экзогенно оказывают косметические препараты. Косметические средства влияют не только на изменение состояния микробиоты кожи, но и на структуру самих микроорганизмов, локализующихся на поверхности дермы. Химические ингредиенты косметического препарата сохраняются длительное время на поверхности кожи, независимо от ежедневного принятия душа. За счет обильного нанесения косметических средств изменяется гидратация кожи, что свидетельствует о снижении численности нормальных микроорганизмов кожи: *Cutibacterium*, *Staphylococcus*, *Corynebacterium*. Значительно увеличивается количество *Ralstonia*, который способен изменять химические ингредиенты косметического средства и подавлять их воздействие [36, 37].

Бытовые моющие средства, такие как средства для мытья посуды, мыло, гели для тела, также могут стать причиной повреждения микробиоты кожи. В них содержатся анионные поверхностно-активные вещества, которые агрессивно воздействуют на поверхность кожи [25, 38, 39].

Помимо экзогенных факторов в изменении микробиологического состава кожи участвуют и эндогенные факторы, способные повлиять на состояние кожного покрова, такие как болезни крови, иммунодефицитные состояния, стрессы, генетические факторы и интеркуррентные заболевания [40, 41].

Состояние желудочно-кишечного тракта (ЖКТ) человека тесно связано с состоянием кожных покровов. Еще Гиппократ описывал ассоциированные с состоянием ЖКТ кожные заболевания, такие как хроническая крапивница и розовые угри. Согласно современным данным, особенно влияют патологические изменения тонкой кишки на возникновение дерматозов. Нарушение кишечного всасывания веществ, в особенности уменьшение избирательности всасывания, а также нарушение процесса расщепления поступающих веществ, может привести к попаданию в организм токсичных веществ, их накоплению. В свою очередь, токсические субстанции имеют способность вызывать аллергическую реакцию, одним из проявлений которой являются кожные высыпания. Потребление аллергенов самих по себе также может стать причиной дерматозов [42, 43].

Как меняется состав микрофлоры и структура кожи при некоторых дерматозах, в частности при atopическом дерматите?

Атопический дерматит (АД) — многофакторное аллергическое воспалительное заболевание кожи, начинающееся в детском возрасте, склонное к прогрессированию и значительно снижающее качество жизни больных. В настоящее время является очень распространенным заболеванием, в особенности в странах с развитым промышленным производством. АД следует рассматривать как полиэтиологическое заболевание, в основе которого лежит сочетание дефектов иммунного ответа, нарушений микробиоты и повреждающего действия факторов окружающей среды. На развитие АД влияют экологические и генетические факторы, которые действуют на основные функции кожи — поддержание эпителиального барьера кожи и иммунного ответа.

Разнообразие микробиоты на пораженных участках кожи при atopическом дерматите более скудное по сравнению с непораженными участками [44]. Изменение состава микрофлоры кожи при АД связано с повышением количества *S. aureus* (золотистый стафилококк) и *S. epidermidis*. Золотистый стафилококк является комменсальной бактерией и встречается у 30% населения, локализуется в слизистой оболочке части носа и на пораженных участках кожи, что позволяет патогенным микробам и токсинам проникать в ткань [45]. Больные с АД имеют ослабленный кожный иммунитет, так как *S. aureus* выделяет стафилококковый энтеротоксин В, который усиливает воспаление, вызывая активацию Т-лимфоцитов и макрофагов. В острой стадии заболевания золотистый стафилококк стимулирует выработку тимус-стромального лимфопоэтина, IL-25 и IL-33, которые вырабатывают иммунный ответ. Кроме того, *S. aureus* нарушает протеолитический баланс в коже, продуцируя различные внеклеточные протеазы и увеличение продукции сериновых протеаз кератиноцитами и металлопро-

теазами в дермальных фибробластах, которые могут далее разрушать кожный барьер [46]. При АД наблюдается снижение количества представителей *Corynebacterium* — это свидетельствует об антимикробных соединениях на поверхности кожи, которые вырабатываются микроорганизмами *S. aureus* и *S. epidermidis* [47]. Подобное нарушение нормальной микробиоты кожи появляется при употреблении лекарственных веществ для лечения острой формы АД. Целями лечения АД являются восстановление кожного барьера, уменьшение воздействия таких провоцирующих факторов, как стрессы и аллергические реакции [45, 48–52].

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Нормальная микрофлора кожи человека разнообразна и включает в себя до 80 тысяч представителей, но основу такого разнообразия составляют 19 таксономических видов, среди которых у взрослых людей преобладают *Actinobacteria*, *Firmicutes*, *Protobacteria* и *Bacteroidetes*. Изменение состава человеческой микробиоты кожи в рамках нормы зависит от различных факторов — возраст, пол, место проживания, топографическое расположение изучаемого фрагмента кожного покрова, профессиональную принадлежность, условия внешней среды. Патогенное изменение состава и функций кожи может происходить вследствие экзогенных, эндогенных и генетических факторов. Таким образом, возможно возникновение хронических дерматозов, таких как atopический дерматит. Анализ литературы показал, что при этом заболевании происходят специфические изменения в составе микробиоты кожи. При atopическом дерматите повышается количество *S. aureus* и *S. epidermidis*. Больные с АД имеют ослабленный кожный иммунитет, обусловленный жизнедеятельностью *S. aureus*. Современные представления о формировании и составе микробиоты кожи могут внести существенные изменения в понимание патогенетических механизмов ряда хронических кожных заболеваний.

ДОПОЛНИТЕЛЬНАЯ ИНФОРМАЦИЯ

Вклад авторов. Все авторы внесли существенный вклад в разработку концепции, проведение исследования и подготовку статьи, прочли и одобрили финальную версию перед публикацией.

Конфликт интересов. Авторы декларируют отсутствие явных и потенциальных конфликтов интересов, связанных с публикацией настоящей статьи.

Источник финансирования. Авторы заявляют об отсутствии внешнего финансирования при проведении исследования.

ADDITIONAL INFORMATION

Author contribution. Thereby, all authors made a substantial contribution to the conception of the study, acquisition, analysis,



interpretation of data for the work, drafting and revising the article, final approval of the version to be published and agree to be accountable for all aspects of the study.

Competing interests. The authors declare that they have no competing interests.

Funding source. This study was not supported by any external sources of funding.

ЛИТЕРАТУРА

1. Аравийская Е.Р., Соколовский Е.В. Микробиом: новая эра в изучении здоровой и патологически измененной кожи. Вестник дерматологии и венерологии. 2016;3:102–109.
2. Карякина Л.А., Кукушкина К.С., Карякин А.С., Богданов Ю.А. Себорейный дерматит: роль микробиоты кожи и кишечника. Медицина: теория и практика. 2020;5(1):95–101.
3. Адаскевич В.П. Дерматовенерология: руководство. Витебск; Москва: Медицинская литература; 2019.
4. Нелюбова О.И., Тальникова Е.Е., Моррисон А.В. Микробиом кожи и его роль в норме и патологии. Российский журнал кожных и венерических болезней. 2016;19(2):97.
5. An Q., Sun M., Qi R. Q., Zhang L., Zhai J. L., Hong Y. X., Song B., Chen H. D., Gao X. H. High Staphylococcus epidermidis Colonization and Impaired Permeability Barrier in Facial Seborrheic Dermatitis. Chin. Med. J. 2017;130:1662–1669.
6. Bassetti M., Almirante B., Giamarellos-Bourboulis E.J., Gournellis R., Grande I., Marini M.G., Balestrieri M. The interplay between acute bacterial skin and skin structure infections and depression: a vicious circle of major clinical importance. Curr Opin Infect Dis. 2020;33(2):155–165.
7. Boulange C.L., Neves A. L., Chilloux J., Nicholson J. K., Dumas M.E. Impact of the gut microbiota on inflammation, obesity, and metabolic disease. Genome Med. 2016;8:16.
8. Byrd A.L., Deming C., Cassidy S.K.B., Harrison O.J., Weng-lan Ng, Conlan S., Belkaid Y., Segre J.A., Kong H.H. Staphylococcus aureus and Staphylococcus epidermidis strain diversity underlying pediatric atopic dermatitis. Sci Transl Med. 2017;9(397):31. DOI: 10.1126/scitranslmed.aal4651.
9. Chang H.W., Yan D., Singh R., Liu J., Lu X., Ucmak D., Lee K., Afifi L., Fadrosch D., Leech J., Vasquez K.S., Lowe M.M., Rosenblum M.D., Schar Schmidt T.C., Lynch S.V., Liao W. Alteration of the cutaneous microbiome in psoriasis and potential role in Th17 polarization. Microbiome. 2018;6(1):154.
10. Lescheid D.W. Probiotics as regulators of inflammation: A review. Funct. Foods Heal. Dis. 2018;4:299.
11. Sender R., Fuchs S., Milo R. Revised estimates for the number of human and bacteria cells in the body. PLoS Biol. 2016;14(8):e1002533. DOI: 10.1371/journal.pbio.1002533.
12. Grice E.A., Kong H.H., Renaud G., Young A.C., NISC Comparative Sequencing Program, Bouffard G.G., Blakesley R.W., Wolfberg T.G., Turner M.L., Segre J.A. A diversity profile of the human skin microbiota. Genome Res. 2008;18(7):1043–1050. DOI: 10.1101/gr.075549.107.
13. Никонов Е.Л., Гуревич К.Г. Микробиота различных локусов организма. М.: Российская академия наук; 2017.
14. Рахматов Т.П., Рахматов А.Б., Курбанова Н.К. Терапия хронических дерматозов, связанных с инфекцией кожи. Дерматология и эстетическая медицина. 2019;3(43):156.
15. Силина Л.В., Бибичева Т.В., Мятенко Н.И., Переверзева И.В. Структура, функции и значение микробиома кожи в норме и при патологических состояниях. РМЖ. 2018;8(II):92–96.
16. Sugita T., Yanazaki T., Makimura K. Comprehensive analysis of the skin fungal microbiota of astro-nauts during a half-year stay at the International Space Station. Med Mycol. 2016;14:1–21.
17. Park J.U., Oh B., Lee J.P., Choi M.H., Lee M.J., Kim B.S. Influence of Microbiota on Diabetic Foot Wound in Comparison with Adjacent Normal Skin Based on the Clinical Features. Biomed Res Int. 2019;19:745–923.
18. Pammi M., O'Brien J.I., Ajami N.I., Wong M.C., Versalovic J., Petrosino J.F. Development of the cutaneous microbiome in the preterm infant: A prospective longitudinal study. Plos One. 2017;12(4):176–669. DOI: 10.1371/journal.pone.D176669.
19. Prohic A., Jovovic Sadikovic T., KrupalijaFazlic M., Kuskunovic-Vlahovljak S. Malassezia species in healthy skin and in dermatological conditions. Int J Dermatol. 2016;55(5):494–504. DOI: 10.1111/ijd.13116.
20. Lev-Sagie A., Goldman-Wohl D., Cohen Y., Dori-Bachash M., Leshem A., Mor U., Strahilevitz J., Moses A.E., Shapiro H., Yagel S., Elinav E. Vaginal microbiome transplantation in women with intractable bacterial vaginosis. Nature Medicine. 2019;25:1500–1504.
21. Vasiliki Lolou, Mihalos I. Panayiotidis. Functional Role of Probiotics and Prebiotics on Skin Health and Disease. Fermentation. 2019;5(2):41.
22. Vaughn A.R., Notay M., Clark A.K., Sivamani R.K. Skin-gut axis: The relationship between intestinal bacteria and skin health. World J. Dermatol. 2017;6(4):52–58.
23. Wilantho A., Deekaew P., Srisuttiyakorn C., Tongsima S., Somboonna N. Diversity of bacterial communities on the facial skin of different age-group Thai males. PeerJ. 2017;21:5.
24. Zheng Y., Liang H., Li Z., Tang M., Song L. Skin microbiome in sensitive skin: The decrease of Staphylococcus epidermidis seems to be related to female lactic acid sting test sensitive skin. J Dermatol Sci. 2019;16:30387–30388. DOI: 10.1016/j.jdermsci.2019.12.004.
25. Mukherjee S., Mitra R., Maitra A., Gupta S., Kumaran S., Chakraborty A., Majumder P.P. Sebum and Hydration Levels in Specific Regions of Human Face Significantly Predict the Nature and Diversity of Facial Skin Microbiome. Sci Rep. 2016;27:360–362.
26. Wollina U. Microbiome in atopic dermatitis. Clin. Cosmet. Investig. Dermatol. 2017;10:51–56.
27. Woo Y.R., Lee S.H., Cho S.H., Lee J.D., Kim H.S. Characterization and Analysis of the Skin Microbiota in Rosacea: Impact of Systemic Antibiotics. J Clin Med. 2020;9:1–5.
28. Nakatsuji T., Chiang H.I., Jiang S.B., Nagarajan H., Zengler K., Gallo R.L. The microbiome extends to subepidermal compartments of normal skin. Nat Commun. 2013;4:1431. DOI: 10.1038/ncomms2441.
29. Prast-Nielsen S., Tobin A.M., Adamzik K., Powles A., Hugerth L.W., Sweeney C., Kirby B., Engstrand L., Fry L. Investigation of the skin

- microbiome: swabs vs. biopsies. *Br J Dermatol.* 2019;28. DOI: 10.1111/bjd.17691.
30. Byrd A.L., Belkaid Y., Segre J.A. The human skin microbiome. *Nat Rev Microbiol.* 2018;16(3):143–155. DOI: 10.1038/nrmi-cro.2017.157.
 31. Foulongne V., Sauvage V., Hebert C., Dereure O., Cheval J., Gouilh M.A., Pariente K., Segondy M., Burguiere A., Manuguer-ra J.C., Caro V., Eloit M. Human skin microbiota: high diversity of DNA viruses identified on the human skin by high throughput sequencing. *PLoS One.* 2012;7(6):e38499. DOI: 10.1371/journal.pone.0038499.
 32. Oh J., Byrd A.L., Deming C., Conlan S., NISC Comparative Se-quencing Program, Kong H.H., Segre J.A. Biogeography and in-dividuality shape function in the human skin metagenome. *Nature.* 2014;514(7520):59–64. DOI: 10.1038/nature13786.
 33. Wylie K.M., Mihindukulasuriya K.A., Zhou Y., Sodergren E., Storch G.A., Weinstock G.M. Metagenomic analysis of dou-blestranded DNA viruses in healthy adults. *BMC Biol.* 2014;(12):71. DOI: 10.1186/s12915-014-0071-7.
 34. Grice E.A. The intersection of microbiome and host at the skin in-terface: genomic- and metagenomic-based insights. *Genome Res.* 2015;25(10):1514–1520. DOI: 10.1101/gr.191320.115.
 35. Mori N., Kano M., Masuoka N. Effect of probiotic and prebiotic fermented milk on skin and intestinal conditions in healthy young female students. *Biosci. Microbiota Food. Health.* 2016;35(3):105–112.
 36. Myles I.A., Earland N.J., Anderson E.D., Moore I.N., Kieh M.D., Wil-liams K.W., Saleem A., Fontecilla N.M., Welch P.A., Darnell D.A., Barnhart L.A., Sun A.A., Uzel G., Datta S.K. First-in-human topical microbiome transplantation with *Roseomonas mucosa* for atopic dermatitis. *JCI Insight.* 2018;3(9):120–608. DOI: 10.1172/jci.in-sight.120608.
 37. O'Neill C.A., Monteleone G., McLaughlin J.T., Paus R. The gut-skin axis in health and disease: A paradigm with therapeutic im-plications. *Bioessays.* 2016;38(11):1167–1176.
 38. Nakatsuji T., Chen T.H., Narala S., Chun K.A. Antimicrobials from human skin commensal bacteria protect against *Staphylococcus aureus* and are deficient in atopic dermatitis. *Sci. Transl. Med.* 2017;9(378):46–80. DOI: 10.1126/scitranslmed.aah4680.
 39. Urban J., Fergus D.J., Savage A.M., Ehlers M., Menninger H.L., Dunn R.R., Horvath J.E. The effect of habitual and experimental an-tiperspirant and deodorant product use on the armpit microbiome. *PeerJ.* 2016;4:1605. DOI: 10.7717/peerj.1605.
 40. Stalder J.F., Fluhr J.W., Foster T., Glatz M., Proksch E. The emer-ging role of skin microbiome in atopic dermatitis and its clinical im-plication. *J Dermatolog Treat.* 2019;30(4):357–364.
 41. Tanaka A., Cho O., Saito C. Comprehensive pyrosequencing analy-sis of the bacterial microbiota of the skin of patients with seborrheic dermatitis. *Microbiol. Immunol.* 2016;60(8):521–526.
 42. Catinean A., Neag M.A., Muntean D.M., Bocsan I.C., Buzoianu A.D. An overview on the interplay between nutraceuticals and gut micro-biota. *Peer J.* 2018;6:e4465.
 43. Corrêa-Oliveira R., Fachi J.L., Vieira A., Sato F.T., Vinolo M.A.R. Regulation of immune cell function by short-chain fatty acids. *Clin. Transl. Immunol.* 2016;5:73.
 44. Salava A., Lauerma A. Role of the skin microbiome in atopic derma-titis. *Clin Transl Allergy.* 2014;4:33. DOI: 10.1186/2045-7022-4-33.
 45. Baldwin H.E., Bhatia N.D., Friedman A., Eng R.M., Seite S. The Role of Cutaneous Microbiota Har-mony in Maintaining a Functional Skin Barrier. *J Drugs Dermatol.* 2017;16(1):12–18.
 46. Williams M.R., Nakatsuji T., Sanford J.A., Vrbanc A.F., Gallo R.L. *Staphylococcus aureus* Induces Increased Serine Protease Acti-vity in Keratinocytes. *J Invest Dermatol.* 2017;137:377–384. DOI: 10.1016/j.jid.2016.10.008.
 47. Zhou W., Spoto M., Hardy R., Guan C., Fleming E., Larson P.J., Brown J.S., Oh J. Host-Specific Evolutionary and Transmission Dynamics Shape the Functional Diversification of *Staphylococcus epidermidis* in Human Skin. *Cell.* 2020;180(3):454–470.
 48. Salem I., Ramser A., Isham N., Ghannoum M.A. The Gut Micro-biome as a Major Regulator of the Gut-Skin Axis. *Front. Microbiol.* 2018;9:1459.
 49. Намазова-Баранова Л.С., Алексеева А.А., Алтунин В.В. и др. Аллергия у детей: от теории — к практике. М.: ПедиатрЪ; 2011. EDN: QMMLXP.
 50. Листопадова А., Кастрикина А., Корнева А., Завьялова А., За-мятина Ю. Особенности микробиома у детей с атопическим дерматитом в разные возрастные периоды. *Медицина: теория и практика.* 2023;1(8):47–53. DOI: 10.56871/MTP.2023.59.10.006.
 51. Dreno B., Araviiskaia E., Berardesca E., Gontijo G., San-chez V.M., Xiang L.F., Martin R., Bieber T., Microbiome in healthy skin, update for dermatologists. *J Eur Acad Dermatol Venereol.* 2016;30(12):2018–2047.
 52. Williams M.R., Nakatsuji T., Sanford J.A., Vrbanc A.F., Gallo R.L. *Staphylococcus aureus* Induces Increased Serine Protease Acti-vity in Keratinocytes. *J Invest Dermatol.* 2017;137:377–384. DOI: 10.1016/j.jid.2016.10.008.

REFERENCES

1. Araviyskaya E.R., Sokolovsky E.V. Microbiome: a new era in the study of healthy and pathologically altered skin. *Pharmacotherapy in dermatovenerology.* 2016;3:102–109. (In Russian).
2. Karyakina L.A., Kukushkina K.S., Karyakin A.S., Bogdanov Yu.A. Seborrheic dermatitis: the role of skin and intestinal microbiota. *Medicine: theory and practice.* 2020;4(1):95–101. (In Russian).
3. Adaskevich V.P. *Dermatovenerology. Management.* Moscow: Medi-cal literature; 2019. (In Russian).
4. Nelyubova O.I., Talnikova E.E., Morrison A.V. Skin microbiome and its role in normal and pathological conditions. *Russian Journal of Skin and Venereal Diseases.* 2016;19(2):97. (In Russian).
5. An Q., Sun M., Qi R. Q., Zhang L., Zhai J. L., Hong Y. X., Song B., Chen H. D., Gao X. H. High *Staphylococcus epidermidis* Coloniza-tion and Impaired Permeability Barrier in Facial Seborrheic Derma-titis. *Chin. Med. J.* 2017;130:1662–1669.
6. Bassetti M., Almirante B., Giamarellos-Bourboulis E.J., Gournel-lis R., Grande I., Marini M.G., Balestrieri M. The interplay between acute bacterial skin and skin structure infections and depression: a vicious circle of major clinical importance. *Curr Opin Infect Dis.* 2020;33(2):155–165.



7. Boulange C.L., Neves A.L., Chilloux J., Nicholson J.K., Dumas M.E. Impact of the gut microbiota on inflammation, obesity, and metabolic disease. *Genome Med.* 2016;8:16.
8. Byrd A.L., Deming C., Cassidy S.K.B., Harrison O.J., Weng-lan Ng, Conlan S., Belkaid Y., Segre J.A., Kong H.H. *Staphylococcus aureus* and *Staphylococcus epidermidis* strain diversity underlying pediatric atopic dermatitis. *Sci Transl Med.* 2017;9(397):31. DOI: 10.1126/scitranslmed.aal4651.
9. Chang H.W., Yan D., Singh R., Liu J., Lu X., Ucmak D., Lee K., Afifi L., Fadrosch D., Leech J., Vasquez K.S., Lowe M.M., Rosenblum M.D., Scharschmidt T.C., Lynch S.V., Liao W. Alteration of the cutaneous microbiome in psoriasis and potential role in Th17 polarization. *Microbiome.* 2018;6(1):154.
10. Lescheid D.W. Probiotics as regulators of inflammation: A review. *Funct. Foods Heal. Dis.* 2018;4:299.
11. Sender R., Fuchs S., Milo R. Revised estimates for the number of human and bacteria cells in the body. *PLoS Biol.* 2016;14(8):e1002533. DOI: 10.1371/journal.pbio.1002533.
12. Grice E.A., Kong H.H., Renaud G., Young A.C., NISC Comparative Sequencing Program, Bouffard G.G., Blakesley R.W., Wolfberg T.G., Turner M.L., Segre J.A. A diversity profile of the human skin microbiota. *Genome Res.* 2008;18(7):1043–1050. DOI: 10.1101/gr.075549.107.
13. Nikonov E.L., Gurevich K.T. Microbiota of various loci of the body. Skin microbiota. Scientific report. Moscow: Russian Academy of Sciences; 2017. (In Russian).
14. Rakhmatov T.P., Rakhmatov A.B., Kurbanova N.K. Narnic therapy of chronic dermatoses associated with skin infections. *Dermatovenereology and aesthetic medicine.* 2019;3(43):156. (In Russian).
15. Silina L.V., Bibicheva T.V., Myatenko N.I., Pereverzeva I.V. Structure, functions and significance of the skin microbiome in normal and pathological conditions. Breast cancer. *Dermatovenereology.* 2018;8(2):92–96. (In Russian).
16. Sugita T., Yanazaki T., Makimura K. Comprehensive analysis of the skin fungal microbiota of astronauts during a half-year stay at the International Space Station. *Med Mycol.* 2016;14:1–21.
17. Park J.U., Oh B., Lee J.P., Choi M.H., Lee M.J., Kim B.S. Influence of Microbiota on Diabetic Foot Wound in Comparison with Adjacent Normal Skin Based on the Clinical Features. *Biomed Res Int.* 2019;19:745–923.
18. Pammi M., O'Brien J.I., Ajami N.I., Wong M.C., Versalovic J., Petrosino J.F. Development of the cutaneous microbiome in the preterm infant: A prospective longitudinal study. *Plos One.* 2017;12(4):176–669. DOI: 10.1371/journal.pone.0176669.
19. Prohic A., Jovovic Sadikovic T., KrupalijaFazlic M., Kuskunovic-Vlahovljak S. *Malassezia* species in healthy skin and in dermatological conditions. *Int J Dermatol.* 2016;55(5):494–504. DOI: 10.1111/ijd.13116.
20. Lev-Sagie A., Goldman-Wohl D., Cohen Y., Dori-Bachash M., Leshem A., Mor U., Strahilevitz J., Moses A.E., Shapiro H., Yagel S., Elinav E. Vaginal microbiome transplantation in women with intractable bacterial vaginosis. *Nature Medicine.* 2019;25:1500–1504.
21. Vasiliki Lolou, Mihalios I. Panayiotidis. Functional Role of Probiotics and Prebiotics on Skin Health and Disease. *Fermentation.* 2019;5(2):41.
22. Vaughn A.R., Notay M., Clark A.K., Sivamani R.K. Skin-gut axis: The relationship between intestinal bacteria and skin health. *World J. Dermatol.* 2017;6(4):52–58.
23. Wilantho A., Deekaew P., Srisuttiyakorn C., Tongsima S., Somboonna N. Diversity of bacterial communities on the facial skin of different age-group Thai males. *PeerJ.* 2017;21:5.
24. Zheng Y., Liang H., Li Z., Tang M., Song L. Skin microbiome in sensitive skin: The decrease of *Staphylococcus epidermidis* seems to be related to female lactic acid sting test sensitive skin. *J Dermatol Sci.* 2019;16:30387–30388. DOI: 10.1016/j.jdermsci.2019.12.004.
25. Mukherjee S., Mitra R., Maitra A., Gupta S., Kumaran S., Chakraborty A., Majumder P.P. Sebum and Hydration Levels in Specific Regions of Human Face Significantly Predict the Nature and Diversity of Facial Skin Microbiome. *Sci Rep.* 2016;27:360–362.
26. Wollina U. Microbiome in atopic dermatitis. *Clin. Cosmet. Investig. Dermatol.* 2017;10:51–56.
27. Woo Y.R., Lee S.H., Cho S.H., Lee J.D., Kim H.S. Characterization and Analysis of the Skin Microbiota in Rosacea: Impact of Systemic Antibiotics. *J Clin Med.* 2020;9:1–5.
28. Nakatsuji T., Chiang H.I., Jiang S.B., Nagarajan H., Zengler K., Gallo R.L. The microbiome extends to subepidermal compartments of normal skin. *Nat Commun.* 2013;4:1431. DOI: 10.1038/ncomms2441.
29. Prast-Nielsen S., Tobin A.M., Adamzik K., Powles A., Hugerth L.W., Sweeney C., Kirby B., Engstrand L., Fry L. Investigation of the skin microbiome: swabs vs. biopsies. *Br J Dermatol.* 2019;28. DOI: 10.1111/bjd.17691.
30. Byrd A.L., Belkaid Y., Segre J.A. The human skin microbiome. *Nat Rev Microbiol.* 2018;16(3):143–155. DOI: 10.1038/nrmicro.2017.157.
31. Foulongne V., Sauvage V., Hebert C., Dereure O., Cheval J., Gouilh M.A., Pariente K., Segondy M., Burguiere A., Manuguerra J.-C., Caro V., Eloit M. Human skin microbiota: high diversity of DNA viruses identified on the human skin by high throughput sequencing. *PLoS One.* 2012;7(6):e38499. DOI: 10.1371/journal.pone.0038499.
32. Oh J., Byrd A.L., Deming C., Conlan S., NISC Comparative Sequencing Program, Kong H.H., Segre J.A. Biogeography and individuality shape function in the human skin metagenome. *Nature.* 2014;514(7520):59–64. DOI: 10.1038/nature13786.
33. Wylie K.M., Mihindukulasuriya K.A., Zhou Y., Sodergren E., Storch G.A., Weinstock G.M. Metagenomic analysis of double-stranded DNA viruses in healthy adults. *BMC Biol.* 2014;12(1):71. DOI: 10.1186/s12915-014-0071-7.
34. Grice E.A. The intersection of microbiome and host at the skin interface: genomic- and metagenomic-based insights. *Genome Res.* 2015;25(10):1514–1520. DOI: 10.1101/gr.191320.115.
35. Mori N., Kano M., Masuoka N. Effect of probiotic and prebiotic fermented milk on skin and intestinal conditions in healthy young female students. *Biosci. Microbiota Food. Health.* 2016;35(3):105–112.

36. Myles I.A., Earland N.J., Anderson E.D., Moore I.N., Kieh M.D., Williams K.W., Saleem A., Fontecilla N.M., Welch P.A., Darnell D.A., Barnhart L.A., Sun A.A., Uzel G., Datta S.K. First-in-human topical microbiome transplantation with *Roseomonas mucosa* for atopic dermatitis. *JCI Insight*. 2018;3(9):120–608. DOI: 10.1172/jci.insight.120608.
37. O'Neill C.A., Monteleone G., McLaughlin J.T., Paus R. The gut-skin axis in health and disease: A paradigm with therapeutic implications. *Bioessays*. 2016;38(11):1167–1176.
38. Nakatsuji T., Chen T.H., Narala S., Chun K.A. Antimicrobials from human skin commensal bacteria protect against *Staphylococcus aureus* and are deficient in atopic dermatitis. *Sci. Transl. Med*. 2017;9(378):46–80. DOI: 10.1126/scitranslmed.aah4680.
39. Urban J., Fergus D.J., Savage A.M., Ehlers M., Menninger H.L., Dunn R.R., Horvath J.E. The effect of habitual and experimental antiperspirant and deodorant product use on the armpit microbiome. *PeerJ*. 2016;4:1605. DOI: 10.7717/peerj.1605.
40. Stalder J.F., Fluhr J.W., Foster T., Glatz M., Proksch E. The emerging role of skin microbiome in atopic dermatitis and its clinical implication. *J Dermatolog Treat*. 2019;30(4):357–364.
41. Tanaka A., Cho O., Saito C. Comprehensive pyrosequencing analysis of the bacterial microbiota of the skin of patients with seborrheic dermatitis. *Microbiol. Immunol*. 2016;60(8):521–526.
42. Catinean A., Neag M.A., Muntean D.M., Bocsan I.C., Buzoianu A.D. An overview on the interplay between nutraceuticals and gut microbiota. *Peer J*. 2018;6:e4465.
43. Corrêa-Oliveira R., Fachi J.L., Vieira A., Sato F.T., Vinolo M.A.R. Regulation of immune cell function by short-chain fatty acids. *Clin. Transl. Immunol*. 2016;5:73.
44. Salava A., Lauerma A. Role of the skin microbiome in atopic dermatitis. *Clin Transl Allergy*. 2014;4:33. DOI: 10.1186/2045-7022-4-33.
45. Baldwin H.E., Bhatia N.D., Friedman A., Eng R.M., Seite S. The Role of Cutaneous Microbiota Harmony in Maintaining a Functional Skin Barrier. *J Drugs Dermatol*. 2017;16(1):12–18.
46. Williams M.R., Nakatsuji T., Sanford J.A., Vrbanc A.F., Gallo R.L. *Staphylococcus aureus* Induces Increased Serine Protease Activity in Keratinocytes. *J Invest Dermatol*. 2017;137:377–384. DOI: 10.1016/j.jid.2016.10.008.
47. Zhou W., Spoto M., Hardy R., Guan C., Fleming E., Larson P.J., Brown J.S., Oh J. Host-Specific Evolutionary and Transmission Dynamics Shape the Functional Diversification of *Staphylococcus epidermidis* in Human Skin. *Cell*. 2020;180(3):454–470.
48. Salem I., Ramser A., Isham N., Ghannoum M.A. The Gut Microbiome as a Major Regulator of the Gut-Skin Axis. *Front. Microbiol*. 2018;9:1459.
49. Namazova-Baranova L.S., Alekseeva A.A., Altunin V.V. et al. Allergy in children: from theory to practice. Moscow: *Pediatr*; 2011. (In Russian). EDN: QMMLXP.
50. Listopadova A., Kastrikin A., Korneva A., Zavyalova A., Zamyatina Yu. Features of the microbiome in children with atopic dermatitis at different age periods. *Medicine: Theory and Practice*. 2023;1(8):47–53. (In Russian). DOI: 10.56871/MTP.2023.59.10.006.
51. Dreno B., Araviiskaia E., Berardesca E., Gontijo G., Sanchez V.M., Xiang L.F., Martin R., Bieber T. Microbiome in healthy skin, update for dermatologists. *J Eur Acad Dermatol Venereol*. 2016;30(12):2018–2047.
52. Williams M.R., Nakatsuji T., Sanford J.A., Vrbanc A.F., Gallo R.L. *Staphylococcus aureus* Induces Increased Serine Protease Activity in Keratinocytes. *J Invest Dermatol*. 2017;137:377–384. DOI: 10.1016/j.jid.2016.10.008.

