



МИКРОБИОЛОГИЯ/MICROBIOLOGY

DOI: <https://doi.org/10.60797/IRJ.2026.165.75> EDN: [UBPKZW](#)

АНТИБИОТИКОРЕЗИСТЕНТНОСТЬ МИКРОБИОМА КОЖИ У ЧЛЕНОВ СЕМЬИ

Научная статья

Лыков И.Н.^{1,*}, Муравьева А.С.²¹ORCID : 0000-0002-5326-0442;^{1,2} Калужский государственный университет им. К.Э. Циолковского, Калуга, Российская Федерация

* Корреспондирующий автор (linprof47[at]yandex.ru)

Аннотация

Проведено наблюдение за совместно проживающими семьями, чтобы охарактеризовать их микробиоту и оценить ее антибиотикорезистентность. Для количественной оценки межсемейного микробного обмена был осуществлен мониторинг кожной микрофлоры в 27 семьях, охватывающих супругов, их родителей, детей и внуков. Средний возраст родителей находился в диапазоне 40–45 лет, а их детей — 12–14 лет. Средний возраст представителей старшего поколения мужского и женского пола варьировал от 60 до 65 лет. Для сбора данных применялись анкетирование, микробиологические исследования и статистическая обработка полученных результатов. Изучение микробиома кожи членов семьи проводилось путем взятия смывов с кожи ладонной поверхности предплечий с использованием стерильных зондов-тампонов. Антибиотикочувствительность бактерий определяли диффузионным методом на дисках. Микробиота членов семей, особенно супругов, оказалась схожей. Женщины имели на коже в 1,2–1,38 раза больше микроорганизмов, чем мужчины. Наиболее частыми кожными бактериями у всех были *Staphylococcus epidermidis*, *Staphylococcus aureus*, *Corynebacterium spp.* и *Streptococcus spp.* У пожилых участников исследования наблюдалось повышенное содержание бактерий *Staphylococcus epidermidis*, *Staphylococcus aureus* и *Corynebacterium spp.* на коже, что может указывать на возрастные модификации кожного микробиома. Важно отметить, что у всех членов семей, принявших участие в эксперименте, была выявлена множественная лекарственная устойчивость микроорганизмов, населяющих кожу. В частности, кожная микрофлора всех семейных групп чаще всего проявляла резистентность к тобрамицину (в диапазоне 64–90% случаев), оксациллину (83,3–60,7%), бензилпенициллину (77,7–44,9%), олеандомицину (70,0–55,0%) и кларитромицину (59,0–23,0%).

Ключевые слова: члены семьи, микрофлора кожи, антибиотики, резистентность.

ANTIBIOTIC RESISTANCE IN THE SKIN MICROBIOME AMONG FAMILY MEMBERS

Research article

Likov I.N.^{1,*}, Muraveva A.S.²¹ORCID : 0000-0002-5326-0442;^{1,2} K.E. Tsiolkovsky Kaluga State University, Kaluga, Russian Federation

* Corresponding author (linprof47[at]yandex.ru)

Abstract

A study was conducted on co-resident families to characterise their microbiota and evaluate its antibiotic resistance. To quantify inter-family microbial exchange, skin microbiota was monitored in 27 families, including spouses, their parents, children and grandchildren. The average age of the parents was between 40 and 45 years, and that of their children between 12 and 14 years. The average age of the older generation, both male and female, ranged from 60 to 65 years. Data were collected through questionnaires, microbiological studies and statistical analysis of the results. The skin microbiome of family members was studied by taking swabs from the palmar surface of the forearms using sterile swab probes. The antibiotic sensitivity of the bacteria was determined using the disc diffusion method. The microbiota of family members, particularly spouses, proved to be similar. Women had 1.2–1.38 times more microorganisms on their skin than men. The most common skin bacteria in all participants were *Staphylococcus epidermidis*, *Staphylococcus aureus*, *Corynebacterium spp.* and *Streptococcus spp.* Elderly participants in the study showed increased levels of *Staphylococcus epidermidis*, *Staphylococcus aureus* and *Corynebacterium spp.* on the skin, which may indicate age-related changes in the skin microbiome. It is important to note that multiple drug resistance was detected in the microorganisms inhabiting the skin of all family members who took part in the experiment. In particular, the skin microflora of all family groups most frequently exhibited resistance to tobramycin (in 64–90% of cases), oxacillin (83.3–60.7%), benzylpenicillin (77.7–44.9%), oleandomycin (70.0–55.0%) and clarithromycin (59.0–23.0%).

Keywords: family members, skin microbiota, antibiotics, resistance.**Введение**

Микробиом каждого человека уникален. Он формируется под воздействием множества факторов, таких как генетическая предрасположенность, возраст, профессиональная деятельность и пищевые привычки. Кроме того, на формирование микробиома определенное влияние оказывает и наше окружение, включая людей и животных, с которыми мы контактируем [1], [2]. Тесный контакт между членами семьи, хотя и способен модифицировать состав микробиома, не лишает его индивидуальности. Это позволяет рассматривать семью как фундаментальный фактор, формирующий микробиом [3], [4].

Основным внешним физическим интерфейсом между человеком и окружающей средой является кожа. Кожа предотвращает вторжение чужеродных патогенов и создает условия для жизнедеятельности комменсальной микробиоты [5], [6]. На коже человека идентифицировано более 40 родов бактерий, в основном принадлежащих к четырем типам: *Actinobacteria*, *Firmicutes*, *Proteobacteria* и *Bacteroidetes*. Пропорции этих бактерий в каждом сообществе варьируются в зависимости от людей, участков тела, а также микроокружения кожи [7]. На протяжении всей жизни стабильность и функции этих микробных сообществ на коже зависят как от их взаимодействия с нашим организмом, так и от взаимоотношений между самими микроорганизмами.

Питание комменсальной микрофлоры обеспечивается выделениями жировых и сальных желез, отмершими клетками и продуктами распада [8], [9]. Микробиота кожи человека часто преодолевает эпидермальный барьер, мигрируя в дермальные компартменты. Это предполагает прямое взаимодействие бактерий с различными клеточными популяциями кожи, что приводит к изменению их фенотипических проявлений. Отдельные виды кожных комменсалов оказывают влияние на иммунный статус хозяина, демонстрируя специфическую антимикробную, противовоспалительную или противоопухолевую активность, а также индуцируя комплексные врожденные и адаптивные иммунные ответы.

Члены семьи, включая домашних животных, являются потенциальными резервуарами микроорганизмов, устойчивых к противомикробным препаратам. Это связано с распространенным использованием противомикробных препаратов членами семей, а также тесным контактом между ними. Бактерии исторически развили сложные механизмы для нейтрализации действия антибиотиков. Резистентность к антибиотикам детерминирована множеством генов, значительная часть которых способна к горизонтальному переносу между бактериальными клетками [10], [11].

Антибиотикорезистентность в настоящее время является одной из ключевых глобальных проблем общественного здравоохранения. Инфекции, обусловленные резистентными штаммами, а также возникновение полирезистентных патогенных и непатогенных бактерий, представляют собой серьезный вызов, поскольку они способствуют увеличению показателей заболеваемости и смертности, а также компрометируют эффективность лечения инфекционных патологий. Тесные межличностные контакты в семейной среде создают благоприятные условия для горизонтального переноса микроорганизмов и формирования специфической домашней микробиоты [12], [13].

Механизмы взаимной передачи резистентных бактерий в семье включают пищевые цепочки, контакт с окружающей средой и прямое взаимодействие, что может приводить к возникновению инфекций, поддающихся лечению с трудом [14], [15]. Глобальная проблема устойчивости бактерий к антибиотикам ежегодно становится причиной 700000 смертей и представляет собой серьезный вызов для общественного здравоохранения [16]. Необоснованное применение антибиотиков у людей и животных признано основным фактором, способствующим появлению устойчивых к ним инфекций. Ключевым фактором в развитии устойчивости к антибиотикам является их нерациональное использование в медицине и ветеринарии.

Методы и принципы исследования

Объектами исследования были семьи ($n = 27$), включающие родителей, представителей старшего поколения мужского и женского пола, детей и внуков. Основаниями для выбора семей были добровольное согласие на участие в эксперименте и совместное проживание. Средний возраст родителей составил 40–45 лет, а детей — 12–14 лет. Средний возраст представителей старшего поколения мужского и женского пола колебался от 60 лет до 65 лет. В семьях проводилось анкетирование на предмет использования антибиотиков. Для изучения микробиома кожи у членов семьи брали смывы с кожи ладонной части предплечья стерильными зондами-тампонами увлажненным стерильной 0,1% пептонной водой. Отбор проб проводили согласно Методическим указаниям МУ 4.2.2942-11 (Методы контроля. Биологические и Микробиологические факторы. Методы санитарно-бактериологических исследований объектов окружающей среды, воздуха и контроля стерильности в лечебных организациях). Пробы засеивали на питательные среды, используемые при проведении традиционных бактериологических исследований. Идентификацию бактерий выполняли в следующей последовательности: описание культуральных признаков выделенного микроорганизма; получение чистой суточной культуры путем посева на питательные среды; окраска по Граму и микроскопирование препарата.

Определение чувствительности бактерий к антибиотикам осуществляли диффузионным методом с использованием дисков, пропитанных антибиотиками (табл. 1).

Таблица 1 - Перечень использованных антибиотиков

DOI: <https://doi.org/10.60797/IRJ.2026.165.75.1>

№ п/п	Наименование антибиотика	Краткое обозначение	Концентрация антибиотика, мкг
1	Тобрамицин	ТОБ	10
2	Оксациллин	ОКС	1
3	Ломефлоксацин	ЛОМ	10
4	Фурадонин	ФД	300
5	Кларитромицин	КТМ	15
6	Тетрациклин	ТЕТ	30
7	Ампициллин	АМП	10

№ п/п	Наименование антибиотика	Краткое обозначение	Концентрация антибиотика, мкг
8	Олеандомицин	ОЛЕ	15
9	Линкомицин	ЛИН	15
10	Доксициклин	ДОК	30
11	Бензилпенициллин	ПЕН	10 ЕД
12	Неомицин	НЕО	30
13	Фосфомицин	ФОС	200
14	Левомецетин	ЛЕВ	30

Результаты и обсуждение

Результаты мониторинга микрофлоры показали, что общее количество микроорганизмов на коже членов внутри семьи различалось незначительно. Однако на коже матерей общее количество микроорганизмов было в 1,2 больше, чем на коже отцов. Такое же соотношение наблюдалось у мальчиков и девочек (в 1,3 раза), представителей старшего поколения мужского и женского пола (в 1,38 раза), внуков и внучек (в 1,38 раза). Во всех случаях у представителей женского пола количество микроорганизмов на коже предплечья было несколько выше (рис. 1).

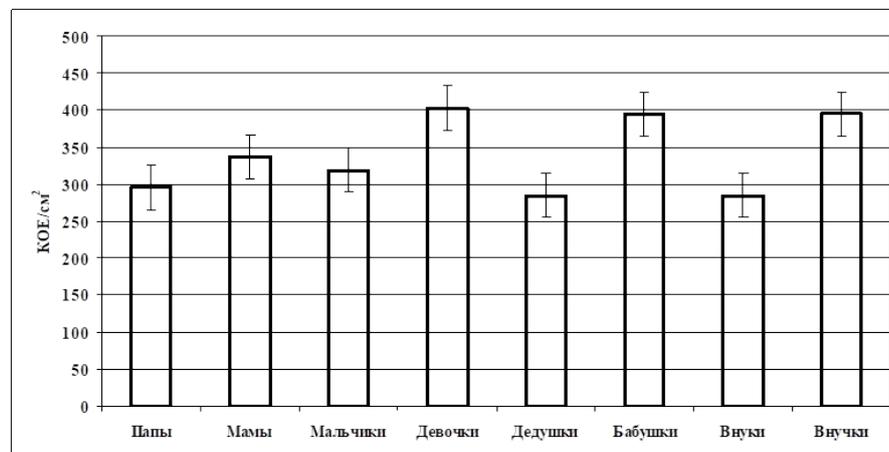


Рисунок 1 - Количественная вариация микробиома кожи у членов семей
DOI: <https://doi.org/10.60797/IRJ.2026.165.75.2>

Чаще всего на поверхности кожи обнаруживали *Staphylococcus epidermidis*, *Staphylococcus aureus*, *Corynebacterium spp.* и *Streptococcus spp.* (рис. 2). Причем частота их встречаемости у представителей женского пола несколько выше, чем у мужского. У представителей старшего поколения женского пола количество *Staphylococcus epidermidis*, *Staphylococcus aureus* и *Corynebacterium spp.* было наибольшим. Это может свидетельствовать о возрастных изменениях микробиома кожи [18].

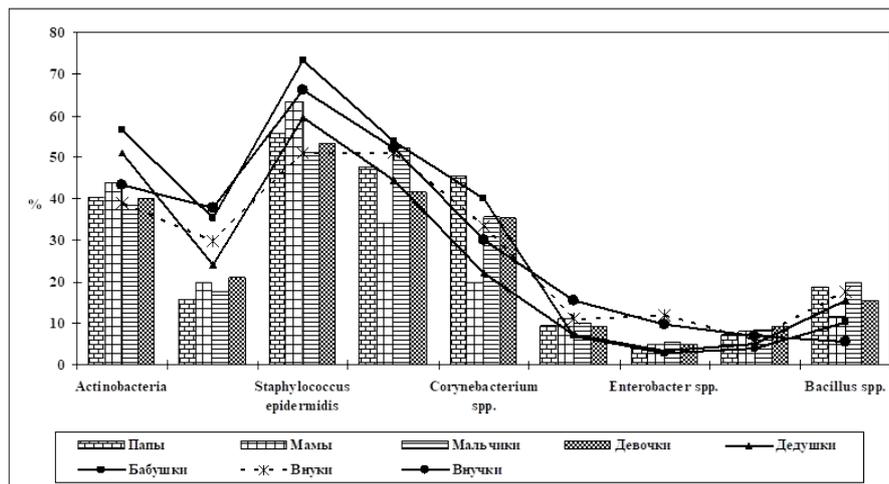


Рисунок 2 - Гендерные особенности видового состава микробиома кожи
 DOI: <https://doi.org/10.60797/IRJ.2026.165.75.3>

По результатам исследования, проведенного среди семей в конце 2022 года, установлено, что мужчины чаще других членов семьи принимали антибиотики в течение года. В частности, мужчины дважды в год прибегали к антибиотикотерапии (21% против 5,2% в других группах). Женщины старшего поколения и внучки, напротив, использовали антибиотики реже (6,8% против 2,2%). Отдельно стоит отметить, что отцы нередко проходили двукратный курс антибиотиков (21%). Таким образом, представители старшего поколения женского пола и внучки демонстрировали наименьшую частоту приема антибиотиков (см. рис. 3).

Строго по указаниям врача принимали антибиотики 25% респондентов, а 36,1% респондентов прекращали принимать антибиотики сразу после улучшения состояния здоровья и в нарушении инструкции к данному препарату. Многие респонденты (36,5%) принимали антибиотики без рекомендаций и назначения врача. Наиболее часто респонденты использовали тетрациклин (30,6%), ампициллин (19,4%), бензилпенициллин (19,2%) и кларитромицин (8,22%).

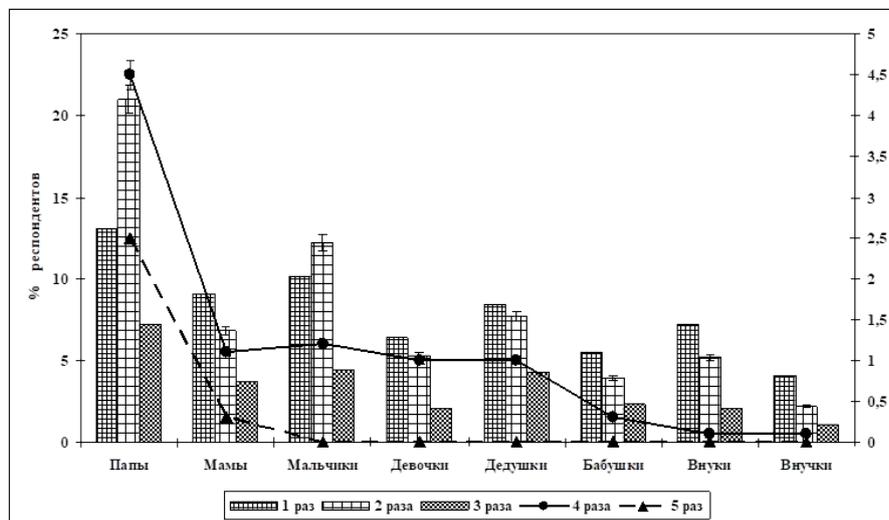


Рисунок 3 - Частота употребления антибиотиков в семьях
 DOI: <https://doi.org/10.60797/IRJ.2026.165.75.4>

У всех членов семей, участвовавших в эксперименте, выявлена множественная лекарственная устойчивость микроорганизмов кожи (рис. 4). Микрофлора всех членов семьи наиболее часто была устойчива в отношении тобрамицина (64–90% микрофлоры), оксацилина (60,7%–83,3% микрофлоры), бензилпенициллина (77,7–44,9% микрофлоры), олеандомицина (70,0–55,0% микрофлоры).

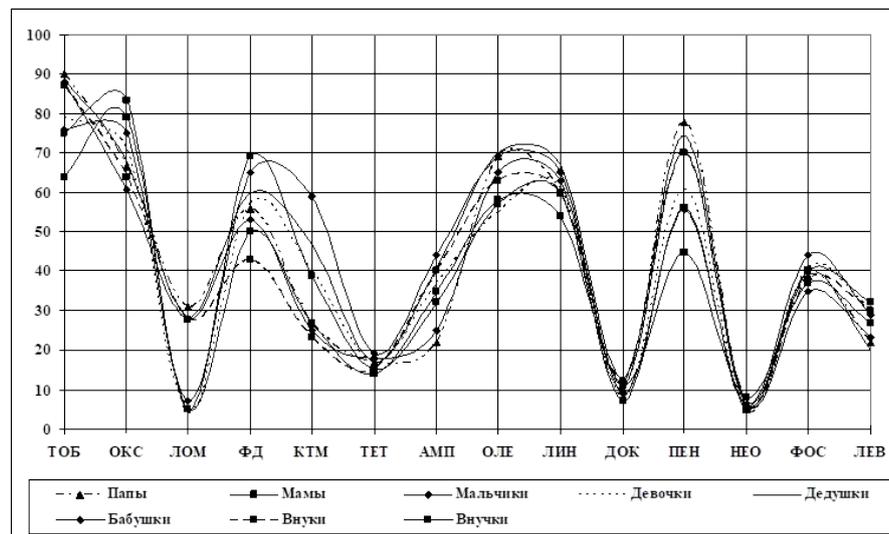


Рисунок 4 - Антибиотикорезистентность микробиома кожи у членов семей
DOI: <https://doi.org/10.60797/IRJ.2026.165.75.5>

Резистентность микроорганизмов кожи к антибиотикам внутри семьи отличается незначительно. Это подтверждено на примере 5 семей, участвовавших в эксперименте, и свидетельствует о том, что микроорганизмы, устойчивые к антибиотикам, могут распространяться между членами семьи. Поэтому не корректное использование антибиотиков одним человеком увеличивает риск возникновения устойчивых микроорганизмов среди членов его семьи. Понимание количественной связи между использованием антибиотиков и возникающей резистентностью важно для прогнозирования будущих уровней устойчивости к антибиотикам и для разработки политики рационального использования антибиотиков.

Заключение

1. Количество микроорганизмов на коже представителей женского пола было в 1,2–1,38 раза выше, чем у представителей мужского пола.
2. Чаще всего на поверхности кожи у всех членов семьи обнаруживались *Staphylococcus epidermidis*, *Staphylococcus aureus*, *Corynebacterium spp.* и *Streptococcus spp.*
3. У бабушек количество *Staphylococcus epidermidis*, *Staphylococcus aureus* и *Corynebacterium spp.* было наибольшим, по сравнению с другими членами семьи. Это может свидетельствовать о более выраженных возрастных изменениях микробиома кожи у представителей старшего поколения женского пола.
4. У всех членов семей, участвовавших в эксперименте, выявлена множественная лекарственная устойчивость микроорганизмов кожи. Микрофлора всех членов семьи наиболее часто была устойчива в отношении тобрамицина (64–90% микрофлоры), оксациллина (83,3–60,7% микрофлоры), бензилпенициллина (77,7–44,9% микрофлоры), олеандомицина (70,0–55,0% микрофлоры), кларитромицина (59,0–23,0% микрофлоры).
5. Внутри семьи формируются микробные трансмиссивные сообщества, определяющие идентичную устойчивость к антибиотикам у различных членов семьи.

Конфликт интересов

Не указан.

Рецензия

Все статьи проходят рецензирование. Но рецензент или автор статьи предпочли не публиковать рецензию к этой статье в открытом доступе. Рецензия может быть предоставлена компетентным органам по запросу.

Conflict of Interest

None declared.

Review

All articles are peer-reviewed. But the reviewer or the author of the article chose not to publish a review of this article in the public domain. The review can be provided to the competent authorities upon request.

Список литературы на английском языке / References in English

1. Schloss P.D. The dynamics of a family's gut microbiota reveal variations on a theme / P.D. Schloss, K.D., Iverson, J.F. Petrosino // *Microbiome*. — 2014. — Vol. 2. — P. 25. — DOI: 10.1186/2049-2618-2-25.
2. Smythe P. The Skin Microbiome: Current Landscape and Future Opportunities / P. Smythe, H.N. Wilkinson // *International Journal of Molecular Sciences*. — 2023. — Vol. 24 (4). — P. 39–50. — DOI: 10.3390/ijms24043950.
3. Song S.J. Cohabiting family members share microbiota with one another and with their dogs / S.J. Song, C. Lauber, E.K. Costello [et al.] // *Elife*. — 2013. — Vol. 2. — Art. e00458. — DOI: 10.7554/eLife.00458.
4. Syromyatnikov M. Characteristics of the Gut Bacterial Composition in People of Different Nationalities and Religions / M. Syromyatnikov, E. Nesterova, M. Gladkikh [et al.] // *Microorganisms*. — 2022. — Vol. 10(9). — P. 1866. — DOI: 10.3390/microorganisms10091866.



5. Byrd A. The human skin microbiome / A. Byrd, Y. Belkaid, J. Segre // *Nat. Rev. Microbiol.* — 2018. — Vol. 16. — P. 143–155. — DOI: 10.1038/nrmicro.2017.157.
6. Swaney M.H. Living in Your Skin: Microbes, Molecules, and Mechanisms / M.H. Swaney, L.R. Kalan // *Infect. Immun.* — 2021. — Vol. 89 (4). — Art. e00695-20. — DOI: 10.1128/IAI.00695-20.
7. Smythe P. The Skin Microbiome: Current Landscape and Future Opportunities / P. Smythe, H.N. Wilkinson // *International Journal of Molecular Sciences.* — 2023. — Vol. 24 (4). — P. 39–50. — DOI: 10.3390/ijms24043950.
8. Lykov I.N. Gender Features of Skin Microbiome and Antibiotic Resistance / I.N. Lykov, A.I. Zyuzina, C.C. Jean // *Teikyo Medical Journal.* — 2022. — Vol. 45. — Iss. 02. — P. 5553–5562.
9. Coates M. The Skin and Intestinal Microbiota and Their Specific Innate Immune Systems / M. Coates, M.J. Lee, D. Norton [et al.] // *Front Immunol.* — 2019. — Vol. 10. — P. 29–50. — DOI: 10.3389/fimmu.2019.02950.
10. Andam C.P. Multilevel populations and the evolution of antibiotic resistance through horizontal gene transfer / C.P. Andam, G.P. Fournier, J.P. Gogarten // *FEMS Microbiol. Rev.* — 2011. — Vol. 35. — P. 756–767. — DOI: 10.1111/j.1574-6976.2011.00274.x.
11. Blair J.M. Molecular mechanisms of antibiotic resistance / J.M. Blair, M.A. Webber, A.J. Baylay [et al.] // *Nat. Rev. Microbiol.* — 2015. — Vol. 13. — P. 42–51. — DOI: 10.1038/nrmicro3380.
12. Rodrigues H.A. The skin microbiome in healthy and allergic dogs / H.A. Rodrigues, A.P. Patterson, A. Diesel // *PLoS One.* — 2014. — Vol. 9 (1). — P. 83–97. — DOI: 10.1371/journal.pone.0083197.
13. Sørum H. Resistance to antibiotics in the normal flora of animals / H. Sørum, M. Sunde // *Vet. Res.* — 2001. — Vol. 32 (3-4). — P. 227–241. — DOI: 10.1051/vetres:2001121.
14. Munita J.M. Mechanisms of antibiotic resistance / J.M. Munita, C.A. Arias // *Microbiol. Spectrum.* — 2016. — Vol. 4 (2). — DOI: 10.1128/microbiolspec.VMBF-0016-2015.
15. Reygaert W.C. An overview of the antimicrobial resistance mechanisms of bacteria / W.C. Reygaert // *AIMS Microbiol.* — 2018. — Vol. 4 (3). — P. 482–501. — DOI: 10.3934/microbiol.2018.3.482.
16. O’Neill J. Antimicrobial Resistance: Tackling a Crisis for the Health and Wealth of Nations / J. O’Neill // *The Review on Antimicrobial Resistance.* — 2014. — Vol. 20. — P. 1–16.
17. Global burden of bacterial antimicrobial resistance in 2019: a systematic analysis // *Lancet.* — 2022. — Vol. 399 (10325). — P. 629–655. — DOI: 10.1016/S0140-6736(21)02724-0.
18. Howard B. Aging-Associated Changes in the Adult Human Skin Microbiome and the Host Factors that Affect Skin Microbiome Composition / B. Howard, C.C. Bascom, P. Hu [et al.] // *J. Invest. Dermatol.* — 2022. — Vol. 42 (7). — P. 1934–1946.e21. — DOI: 10.1016/j.jid.2021.11.029.