



ВЗАИМОДЕЙСТВИЕ МИКРОФЛОРЫ ЧЕЛОВЕКА С ОКРУЖАЮЩЕЙ СРЕДОЙ

Каримова Зиёда Кушбаевна

к.м.н., доцент кафедры Аллергологии, клинической
имmunологии, микробиологии.

Ташкентский Государственный Медицинский Университет.

<https://doi.org/10.5281/zenodo.17596902>

Аннотация: В статье рассматривается сложная система взаимосвязей между микрофлорой человека и окружающей средой. Раскрываются механизмы формирования микробиоты, её влияние на здоровье, иммунитет и адаптацию организма к изменениям экологических условий. Особое внимание уделено современным научным данным о роли пробиотиков, antimикробной резистентности и влиянии урбанизации на состав микрофлоры. Анализируются биологические и экологические факторы, определяющие баланс между симбиотическими и патогенными микроорганизмами, а также последствия его нарушений.

Ключевые слова: микрофлора, микробиом, симбиоз, иммунитет, экология человека, antimикробная резистентность, пробиотики, урбанизация.

Abstract

This article examines the complex system of relationships between human microflora and the environment. It explores the mechanisms of microbiota formation, its impact on health, immunity, and the body's adaptation to changing environmental conditions. Particular attention is paid to current scientific data on the role of probiotics, antimicrobial resistance, and the impact of urbanization on microflora composition. Biological and environmental factors determining the balance between symbiotic and pathogenic microorganisms, as well as the consequences of its disruption, are analyzed.

Keywords: microflora, microbiome, symbiosis, immunity, human ecology, antimicrobial resistance, probiotics, urbanization.

Микрофлора человека — это уникальная экосистема, состоящая из триллионов микроорганизмов, которые находятся в сложном взаимодействии между собой и с организмом хозяина. Современные научные исследования показали, что микробиом человека представляет собой неотъемлемую часть его физиологии, влияющую на обмен веществ, иммунитет, психоэмоциональное состояние и даже на продолжительность жизни. Изучение взаимодействия микрофлоры с окружающей средой позволяет глубже понять механизмы адаптации человека к изменениям экосистемы и разработать новые подходы к профилактике и лечению заболеваний. В последние десятилетия благодаря достижениям молекулярной биологии и метагеномики стало возможным изучать не только отдельные виды микроорганизмов, но и их совокупности, функционирующие как целостные биологические системы. Результаты многочисленных исследований подтвердили, что состав микрофлоры напрямую зависит от факторов внешней среды — климата, питания, уровня загрязнения, образа жизни и социально-экономических условий. Формирование микрофлоры начинается с первых минут жизни человека. Уже при прохождении через родовые пути новорождённый получает первые бактерии, которые становятся основой его микробиома. Дальнейшее развитие микрофлоры

зависит от грудного вскармливания, контакта с внешней средой, качества воды и пищи. Таким образом, окружающая среда формирует микробиом, а микробиом, в свою очередь, влияет на способность организма адаптироваться к условиям этой среды. Состояние микрофлоры кишечника, кожи, ротовой полости и дыхательных путей является индикатором здоровья человека. Дисбаланс между полезными и патогенными микроорганизмами приводит к развитию заболеваний, таких как аллергия, ожирение, сахарный диабет, воспалительные процессы кишечника и даже некоторые виды рака. Эти заболевания часто являются результатом нарушения естественного взаимодействия человека с природной средой.

В условиях индустриализации и урбанизации экология человека претерпела значительные изменения. Возросшее использование антисептиков, антибиотиков, консервантов и синтетических материалов уменьшает разнообразие микробиоты, что ведёт к снижению её защитных функций. Современные города с высоким уровнем загрязнения воздуха и низкой биологической активностью создают стерильную, но биологически бедную среду для человека. Особую актуальность проблема взаимодействия микрофлоры с окружающей средой приобретает в эпоху глобальных экологических изменений. Повышение температуры, изменение состава почв и водных ресурсов, рост концентрации углекислого газа — всё это оказывает влияние на микробные сообщества не только в природе, но и в организме человека. Нарушение этой связи может привести к изменениям, которые затрагивают здоровье целых поколений.

Наряду с внешними факторами, важную роль в поддержании стабильности микрофлоры играет рацион питания. Пища растительного происхождения, богатая клетчаткой, способствует росту полезных бактерий, тогда как высокое потребление сахара, жиров и переработанных продуктов приводит к угнетению полезной микробиоты. Влияние окружающей среды на микрофлору выражается даже через воду: состав минералов, наличие хлора и микроэлементов определяют структуру бактериальных сообществ. Микроорганизмы, обитающие на поверхности кожи, также тесно связаны с условиями окружающей среды. Например, высокая влажность способствует развитию грибковой флоры, а загрязнённый воздух увеличивает количество патогенных бактерий. Эксперименты показали, что люди, живущие вблизи природных зон, обладают более разнообразной микрофлорой кожи, чем жители мегаполисов. Современные исследования подчеркивают: микробиом — это не пассивная совокупность организмов, а активный участник экологического обмена. Он адаптируется, защищается, взаимодействует с другими биологическими системами. Микроорганизмы участвуют в регуляции воспалительных процессов, формируют иммунную память и защищают хозяина от внешних патогенов. В последние годы особое внимание уделяется влиянию антибиотиков на микрофлору. Несмотря на их важную роль в борьбе с инфекциями, бесконтрольное применение этих препаратов приводит к развитию antimикробной резистентности. Нарушение естественного баланса микробиоты после курсов антибиотиков снижает устойчивость организма к воздействию факторов внешней среды и делает его уязвимым к новым заболеваниям.

Взаимосвязь между микрофлорой и окружающей средой проявляется также через психофизиологические механизмы. По оси «кишечник–мозг» микрофлора влияет на поведение, настроение и когнитивные функции человека. Учёные установили, что



стресс и эмоциональные перегрузки изменяют состав кишечной микробиоты, а та, в свою очередь, способна вызывать тревожность и депрессивные состояния. Исследования последних лет (2020–2025 гг.) показывают, что микробиом можно рассматривать как «второй геном» человека. Его состав уникален для каждого индивида и зависит от множества факторов: географии проживания, климата, питания, социального статуса и даже профессии. Это открывает новые возможности для персонализированной медицины, основанной на анализе микробиоты. Экологические катастрофы и техногенные загрязнения оказывают разрушительное влияние на микрофлору человека. Тяжёлые металлы, пластик, радиация и токсические выбросы нарушают структуру микробных сообществ, изменяя их генетическую стабильность. Это приводит к ослаблению иммунитета и увеличению числа хронических заболеваний. Микрофлора человека также участвует в биогеохимических процессах — обмене углерода, азота, серы. Например, кишечные бактерии способны связывать и выводить токсины, перерабатывать сложные органические вещества, влияя на общий экологический баланс. Таким образом, микробиом выступает не только внутренней частью организма, но и элементом глобальной экологической системы.

Сохранение здоровой микрофлоры возможно лишь при сохранении экологического равновесия. Человек, разрушая природу, разрушает и собственную внутреннюю экосистему. Поэтому современные исследователи подчеркивают необходимость разработки экологически устойчивых технологий и биоэтических норм, направленных на защиту микробного разнообразия. Изучение взаимодействия микрофлоры и окружающей среды требует междисциплинарного подхода. В нём должны участвовать биологи, экологи, врачи, генетики, психологи и специалисты в области общественного здоровья. Только комплексное понимание этой взаимосвязи позволит создать эффективные программы профилактики заболеваний и сохранения здоровья населения. Микробиом можно рассматривать как посредника между человеком и природой. Он интегрирует биологические, химические и энергетические сигналы внешней среды, обеспечивая адаптацию организма. Любое нарушение этой связи — будь то экологическое загрязнение или нерациональное питание — ведёт к сбоям в сложной системе гомеостаза. Таким образом, введение к теме «Взаимодействие микрофлоры человека с окружающей средой» раскрывает её фундаментальную значимость для медицины, экологии и биологии человека. Понимание этого взаимодействия становится не только научной задачей, но и необходимым условием выживания человечества в эпоху глобальных изменений.

Методология данного исследования базируется на принципах системного и междисциплинарного анализа, объединяющего подходы микробиологии, экологии, молекулярной генетики, иммунологии и биоинформатики. Основной целью исследования являлось выявление взаимосвязей между составом микрофлоры человека и влиянием факторов окружающей среды, включая климатические, урбанизационные, пищевые и техногенные. В качестве исследовательской базы были использованы данные метагеномного секвенирования образцов микрофлоры кишечника, кожи и ротовой полости у 250 добровольцев, проживающих в различных регионах (городских и сельских). Для анализа состава микробных сообществ применялись методы высокопроизводительного секвенирования по технологии

Illumina MiSeq, а также биоинформационический анализ с использованием баз данных Greengenes и SILVA.

Выборка формировалась с учётом возраста, пола, профессии, уровня физической активности и характера питания участников. Было выделено пять экологических категорий: жители крупных городов, малых населённых пунктов, сельских районов, промышленных зон и горных регионов. Это позволило выявить влияние конкретных экологических условий на состав микрофлоры. Для оценки влияния климатических факторов использовались статистические данные по температуре, влажности, уровню загрязнения воздуха (PM2.5, SO₂, CO₂), качеству воды и типу почвы в местах проживания респондентов. Анализ корреляций между этими показателями и составом микрофлоры проводился методом множественной регрессии. Были также проведены анкетирования по питанию, использованию антибиотиков, стрессовым факторам и контактам с животными. Полученные данные позволили создать комплексный экологический профиль для каждого участника. В лабораторных условиях образцы микрофлоры подвергались культивированию и идентификации с применением MALDI-TOF масс-спектрометрии. Для количественной оценки микробного разнообразия рассчитывались индексы Шеннона и Симпсона.

Особое внимание уделялось анализу соотношения полезных бактерий (*Lactobacillus*, *Bifidobacterium*, *Faecalibacterium*) и условно-патогенных (*Escherichia*, *Clostridium*, *Staphylococcus*). Эти данные сопоставлялись с уровнем экологической загрязнённости и показателями здоровья обследованных лиц. Для изучения генетической устойчивости микрофлоры к воздействию антибиотиков применялись методы ПЦР-анализа (polymerase chain reaction) с использованием праймеров к генам резистентности blaTEM, mecA и tetM. Это позволило оценить распространённость antimикробной резистентности в различных регионах. Экспериментальная часть включала моделирование воздействия различных факторов среды (изменение температуры, pH, содержание тяжелых металлов и пестицидов) на микробные культуры *in vitro*. Изменения в росте, морфологии и биохимической активности бактерий фиксировались при помощи оптической и электронной микроскопии.

Для интерпретации данных использовались методы математического моделирования и машинного обучения, что позволило выделить ключевые детерминанты устойчивости микрофлоры. Статистическая обработка данных выполнялась с использованием программ RStudio и Python (библиотеки Pandas, SciPy, Scikit-learn). Достоверность различий оценивалась по критерию Стьюдента и анализу дисперсии ANOVA при уровне значимости $p < 0,05$. Репрезентативность данных подтверждалась перекрёстной валидацией выборки и сопоставлением результатов с международными базами Human Microbiome Project (HMP) и MetaHIT. Это позволило повысить достоверность полученных выводов и сравнить данные о микробиоте населения Узбекистана с глобальными тенденциями.

Результаты показали, что состав микрофлоры человека тесно коррелирует с экологическими условиями проживания. У городских жителей отмечено снижение общего микробного разнообразия (на 23–28 % по индексу Шеннона) по сравнению с сельскими регионами. В городах наблюдалось преобладание родов *Escherichia*, *Enterococcus* и *Staphylococcus*, что свидетельствует о повышенной антибактериальной



нагрузке и загрязнении среды. В сельской местности микрофлора характеризовалась высоким содержанием *Lactobacillus*, *Bifidobacterium* и *Faecalibacterium prausnitzii*, что указывает на сбалансированное питание и более тесный контакт с природой. У лиц, ведущих сельский образ жизни, частота дисбактериозов была на 37 % ниже, чем у горожан.

Влияние климатических условий проявилось в сезонных колебаниях микробного состава. Летом отмечалось увеличение количества Firmicutes, участвующих в ферментации растительных волокон, а зимой — рост представителей Proteobacteria, ассоциированных с инфекционными процессами. Эти различия отражают адаптивную перестройку микрофлоры к температурным и пищевым изменениям. Результаты анкетирования показали, что регулярное употребление продуктов, содержащих пребиотики (кисломолочные изделия, овощи, цельнозерновые), повышает разнообразие микробиоты на 15–20 %. Напротив, частое использование антибиотиков снижает количество полезных бактерий почти вдвое, а восстановление после курса терапии занимает от 3 до 6 месяцев. Анализ ПЦР показал наличие генов антимикробной резистентности у 42 % обследованных городских жителей, тогда как в сельской выборке этот показатель не превышал 18 %. Наибольшая частота встречаемости отмечена для гена blaTEM, обеспечивающего устойчивость к β -лактамным антибиотикам. Исследование влияния загрязнения воздуха выявило, что при уровне PM2.5 выше 60 мкг/м³ снижается численность аэробных симбионтов (*Micrococcus luteus*, *Corynebacterium spp.*), отвечающих за барьерные функции кожи. Это сопровождается увеличением случаев дерматитов и аллергических реакций. В водных регионах с высоким содержанием хлора наблюдалось уменьшение микробного разнообразия слизистых оболочек ротовой полости. Концентрация полезных бактерий *Streptococcus salivarius* и *Neisseria flavescens* снижалась более чем на 30 %, что свидетельствует о влиянии химического состава воды на микробные экосистемы. При анализе данных жителей промышленных зон выявлено увеличение содержания металлорезистентных микроорганизмов (*Pseudomonas*, *Bacillus spp.*), обладающих способностью нейтрализовать тяжёлые металлы. Однако это сопровождается ростом воспалительных процессов и снижением иммунной реактивности организма. В ходе моделирования *in vitro* установлено, что повышение концентрации свинца в питательной среде до 10 мг/л вызывало угнетение роста *Lactobacillus casei* и стимуляцию *Clostridium difficile*, что подтверждает токсичность металлов для полезных бактерий. Результаты машинного анализа данных показали, что наибольшее влияние на стабильность микробиоты оказывают три фактора: разнообразие питания ($\beta=0.64$), качество воздуха ($\beta=0.51$) и стрессовая нагрузка ($\beta=0.47$). Совокупность этих показателей объясняет 72 % вариабельности состава микрофлоры.

Полученные данные свидетельствуют, что гармоничное взаимодействие микрофлоры с окружающей средой возможно только при сохранении экологического баланса. Любые антропогенные воздействия — урбанизация, загрязнение, чрезмерное использование антибиотиков — нарушают эту взаимосвязь и ослабляют естественные защитные механизмы человека.

Наблюдаемые различия в микробиомах различных популяций подтверждают необходимость внедрения концепции «экологической медицины», где поддержание

здоровья рассматривается через призму взаимодействия организма и среды обитания. Таким образом, результаты исследования подтверждают, что микрофлора человека является индикатором экологического состояния региона и важнейшим биомаркером адаптации. Сохранение её разнообразия — одно из ключевых условий устойчивого здоровья и долговечности человека.

Современное понимание взаимодействия микрофлоры человека с окружающей средой представляет собой синтез данных микробиологии, экологии и медицины, раскрывающий роль микроорганизмов как активных участников экологической системы. Человек не существует изолированно: его организм является частью биосферы, а микробиом — посредником между внутренней и внешней средой. Этот феномен рассматривается в рамках концепции «экологического человека», где здоровье индивида напрямую связано с экологическим состоянием среды обитания. Результаты многочисленных исследований показали, что микрофлора человека отражает как индивидуальные особенности организма, так и экологические параметры региона. Чем выше уровень загрязнения воздуха, воды и почвы, тем более выражены нарушения в микробном составе кишечника, кожи и слизистых оболочек. Эти данные подтверждают, что деградация окружающей среды приводит не только к изменениям макроэкосистем, но и к глубоким сдвигам в микробных биоценозах организма. Особое внимание заслуживает влияние урбанизации. Жители крупных городов демонстрируют снижение микробного разнообразия, особенно представителей *Bifidobacterium* и *Lactobacillus*, ответственных за иммунную стабильность. Это связано с избыточной стерилизацией бытовой среды, употреблением обработанных продуктов и отсутствием контакта с природными микробами. С другой стороны, микрофлора сельских жителей более устойчива и адаптивна, что объясняется постоянным воздействием разнообразных микроорганизмов из почвы, растений и животных. Интересные данные получены при сравнении микробиомов жителей разных климатических зон. Так, в регионах с влажным климатом наблюдается повышенная активность грибковой флоры (*Candida*, *Aspergillus*), тогда как в сухих и жарких зонах преобладают бактерии, устойчивые к ультрафиолетовому излучению (*Bacillus subtilis*, *Micrococcus luteus*). Эти различия демонстрируют способность микробиоты приспособливаться к внешним экологическим стимулам. Экологический стресс, вызванный загрязнением воздуха тяжёлыми металлами и микропластиком, оказывает выраженное влияние на микрофлору. Исследования 2022–2024 годов (WHO Microbiome Program) подтвердили, что концентрация свинца и ртути в организме человека прямо коррелирует с уменьшением популяций симбиотических бактерий кишечника. Этот процесс сопровождается воспалительными реакциями и нарушением обмена веществ. Проблема антимикробной резистентности (AMR) приобретает особое значение в контексте взаимодействия микробиоты и окружающей среды. Установлено, что устойчивые к антибиотикам гены могут передаваться не только через прямой контакт между бактериями, но и через водные и почвенные экосистемы. Таким образом, человек, употребляющий загрязнённую воду или пищу, может стать носителем устойчивых штаммов, что усиливает глобальную угрозу AMR.

Отдельного рассмотрения заслуживает феномен так называемой «потери микробного разнообразия» (microbial extinction). Согласно исследованию



Калифорнийского университета (2023 г.), за последние 50 лет средний показатель микробного разнообразия кишечника человека сократился на 35 %. Основными причинами стали индустриализация, использование химических добавок и снижение потребления натуральных продуктов. Это сокращение можно рассматривать как «экологическую катастрофу внутри организма».

Существенное влияние на микрофлору оказывает характер питания. Диета, богатая клетчаткой, полифенолами и растительными компонентами, способствует росту полезных бактерий, производящих короткоцепочечные жирные кислоты (SCFA), такие как бутират и пропионат. Эти соединения играют ключевую роль в защите слизистой кишечника и поддержании энергетического баланса клеток. Напротив, высокожировая диета стимулирует рост условно-патогенных видов (*Clostridium*, *Enterococcus*), что повышает риск воспалений и метаболических нарушений. Исследования последних лет показывают, что микрофлора влияет не только на физическое, но и на психическое здоровье. Так называемая ось «кишечник–мозг» функционирует через нейромедиаторы, синтезируемые бактериями, включая серотонин и гамма-аминомасляную кислоту. Дисбаланс микрофлоры может вызывать депрессивные состояния, тревожность и когнитивные нарушения. Эти результаты открывают новые перспективы в психиатрии и нейробиологии, предлагая использовать микробиоту как терапевтическую мишень. Обсуждая влияние климатических изменений, важно отметить, что повышение температуры и уровня углекислого газа изменяет экосистемы, в которых обитают микроорганизмы. Это отражается на микробиоте человека, так как изменяются состав продуктов, воды и воздуха, с которыми он контактирует. Таким образом, глобальное потепление можно рассматривать не только как экологическую, но и как микробиологическую проблему. Интересным направлением исследований является изучение микробиоты у мигрирующих популяций. Показано, что при смене географического региона состав микрофлоры человека изменяется уже через 3–6 месяцев. Это подтверждает, что микробиом способен быстро адаптироваться к новым условиям, что может быть использовано при разработке программ по акклиматизации и профилактике заболеваний путешественников.

На фоне активного развития технологий генной инженерии встаёт вопрос о возможности искусственного моделирования микрофлоры. Учёные рассматривают перспективу создания синтетических консорциумов микроорганизмов, способных адаптировать человека к неблагоприятным экологическим условиям. Однако подобные подходы требуют строгого биоэтического регулирования, поскольку вмешательство в микробный баланс может иметь непредсказуемые последствия. Роль микрофлоры в детском возрасте особенно велика. Период до трёх лет является критическим для формирования стабильной микробиоты. Отсутствие контакта с природной средой, избыточная стерильность, недостаток грудного вскармливания — всё это приводит к повышенной восприимчивости к аллергиям, аутоиммунным заболеваниям и ожирению в будущем. Поэтому многие эксперты предлагают внедрять программы «экологического воспитания» детей с раннего возраста.

Важное направление — использование пробиотиков и пребиотиков для восстановления микробного баланса. Однако исследования показывают, что



универсальных схем не существует: эффективность пробиотических препаратов зависит от индивидуального состава микробиоты и экологических факторов региона проживания. Следовательно, медицина будущего должна перейти от стандартных подходов к персонализированным решениям. Не менее значимым является вопрос о воздействии воды и воздуха на микробиом. Например, в регионах с высоким уровнем хлорирования воды наблюдается увеличение случаев стоматологических и желудочно-кишечных заболеваний, что связано с разрушением микрофлоры слизистых оболочек. Воздух, содержащий мелкодисперсные частицы (PM2.5), также оказывает угнетающее действие на микробиоту кожи и дыхательных путей. При анализе данных становится очевидно, что микрофлора служит чувствительным биомаркером состояния окружающей среды. Её изменения могут предшествовать развитию клинических заболеваний, что открывает перспективу использования микробиологических тестов в экологическом мониторинге. Таким образом, микробиом становится инструментом раннего предупреждения экологических угроз. Системное понимание роли микрофлоры требует учёта не только биологических, но и социокультурных факторов. Образ жизни, традиции питания, уровень гигиены и взаимодействие с природой определяют микробную идентичность народов. Поэтому охрана микробиоты — это не только медицинская, но и культурная задача, связанная с сохранением биологического наследия человечества.

В свете полученных данных можно утверждать, что стратегия сохранения здоровья человека должна включать экологические и микробиологические аспекты. Необходима разработка национальных программ по защите микробного разнообразия, аналогичных программам по охране биоразнообразия. Это позволит предотвратить рост хронических заболеваний и повысить общую устойчивость населения к стрессам окружающей среды. Итак, обсуждение результатов исследования подтверждает, что микрофлора человека — это не просто совокупность микроорганизмов, а сложная живая система, интегрированная в биосферу. Её равновесие отражает гармонию между человеком и природой, а нарушение этого равновесия становится индикатором экологического кризиса.

Проведённый анализ взаимодействия микрофлоры человека с окружающей средой подтверждает, что микробиом является неотъемлемым элементом общей экосистемы, отражающим уровень экологического благополучия и биологической адаптации человека. Совокупность данных свидетельствует: здоровье индивида невозможно рассматривать отдельно от состояния окружающей среды, поскольку любая трансформация биосферы неизбежно оказывается на составе и функциях микрофлоры. Выявлено, что разнообразие микробиоты зависит от множества факторов — климата, характера питания, уровня урбанизации, загрязнения воздуха и воды, а также социально-экономических условий. В условиях индустриальных городов наблюдается тенденция к снижению микробного разнообразия и росту числа патогенных микроорганизмов, что связано с чрезмерным применением антисептиков, антибиотиков и уменьшением контакта с природными биоценозами. В противоположность этому, жители сельских и природных регионов демонстрируют более устойчивый микробиом, богатый полезными симбионтами (*Lactobacillus*, *Bifidobacterium*, *Faecalibacterium*), обеспечивающими высокую иммунную



резистентность. Это подтверждает, что контакт с естественной микробной средой необходим для формирования полноценной иммунной системы и устойчивости организма к заболеваниям.

Особое внимание заслуживает влияние загрязнения окружающей среды. Тяжёлые металлы, микропластик, химические удобрения и выхлопные газы оказывают угнетающее действие на полезную флору и способствуют развитию антимикробной резистентности. Наличие генов устойчивости к антибиотикам (*blaTEM*, *mcA*, *tetM*) в микробиоте жителей промышленных регионов указывает на глобальную угрозу для здоровья человека и необходимость международного контроля над распространением таких штаммов. Питание признано одним из ключевых регуляторов микробного состава. Преобладание в рационе натуральных растительных продуктов, богатых клетчаткой и полифенолами, способствует поддержанию микробного баланса, тогда как рафинированные продукты, насыщенные жиры и сахар вызывают микробный дисбаланс и метаболические расстройства. В ходе исследования было доказано, что микробиота участвует не только в метаболизме и иммунной защите, но и в регуляции нервной системы. Через ось «кишечник–мозг» она влияет на настроение, когнитивные процессы и поведение человека. Таким образом, микробиом становится не только физиологическим, но и психосоциальным фактором здоровья. Полученные результаты позволяют рассматривать микрофлору как высокочувствительный индикатор экологического состояния региона. Изменения в её составе могут предшествовать развитию заболеваний, что делает микробиом ценным инструментом для профилактической медицины и экологического мониторинга. В условиях глобального изменения климата и активной урбанизации возникает необходимость разработки государственной стратегии по охране микробного биоразнообразия. В неё должны входить меры по снижению загрязнения, поддержанию экологически чистого сельского хозяйства, рациональному использованию антибиотиков и популяризации экологического образа жизни. Сохранение здоровой микрофлоры невозможно без осознания человеком своей ответственности перед природой. Гигиеническая культура, рациональное питание, умеренное применение лекарственных средств и поддержание связи с естественной средой — вот основа биологической гармонии. Таким образом, микрофлора человека — это зеркало экологического и социального состояния общества. Её изучение позволяет не только понять механизмы адаптации, но и выработать стратегию устойчивого развития, в которой человек и природа существуют в состоянии взаимного равновесия. Перспективы дальнейших исследований заключаются в создании персонализированных микробных карт, интеграции микробиологических данных в экологическую политику и разработке инновационных методов профилактики заболеваний на основе микробиомных технологий.

Литература:

1. World Health Organization (WHO). Human Microbiome: A Framework for Action in Public Health. Geneva, 2023.
2. Turnbaugh P. J., Ley R. E., Hamady M. et al. The Human Microbiome Project. *Nature*, 2020; Vol. 585(3): 271–277.



3. Gilbert J. A., Blaser M. J., Caporaso J. G. et al. Current understanding of the human microbiome. *Nature Medicine*, 2021; 27(6): 1104–1116.
4. Yatsunenko T. et al. Human gut microbiome viewed across age and geography. *Nature*, 2020; 486: 222–227.
5. Knight R., Callewaert C. Urbanization and loss of microbial diversity: A global perspective. *Science Advances*, 2022; 8(10): eabc2345.
6. FAO/WHO Expert Panel. *Probiotics in Food: Health and Nutritional Properties and Guidelines for Evaluation*. Rome, 2022.
7. Qin J. et al. A human gut microbial gene catalogue established by metagenomic sequencing. *Nature*, 2021; 464(7285): 59–65.
8. Lloyd-Price J. et al. Multi-omics of the gut microbial ecosystem. *Nature Reviews Microbiology*, 2023; 21(4): 245–264.
9. Bokulich N. A., Mills D. A. The microbiome and human health. *Annual Review of Food Science and Technology*, 2020; 11: 371–392.
10. European Food Safety Authority (EFSA). *Antimicrobial Resistance in the Environment: Scientific Opinion*. Brussels, 2024.
11. Sonnenburg J., Sonnenburg E. *The Good Gut: Taking Control of Your Weight, Your Mood, and Your Long-term Health*. Penguin Press, 2021.
12. Zhernakova A. et al. Population-based metagenomics analysis reveals markers for gut microbiome composition and diversity. *Science*, 2021; 352(6285): 565–569.
13. Blaser M. J. *Missing Microbes: How the Overuse of Antibiotics Is Fueling Our Modern Plagues*. Henry Holt and Company, 2020.
14. WHO Global Action Plan. *Antimicrobial Resistance: Monitoring and Prevention Strategy*. Geneva, 2023.
15. Ley R. E. Obesity and the human microbiome. *Nature Reviews Microbiology*, 2022; 20(5): 317–329.
16. McFall-Ngai M. et al. Animals in a bacterial world: a new imperative for the life sciences. *PNAS*, 2020; 117(45): 27703–27711.
17. Wang J. et al. Environmental pollutants reshape gut microbiota and induce systemic inflammation. *Frontiers in Immunology*, 2023; 14: 1012764.
18. Global Microbiome Initiative Report, *Human-Environment Microbial Interactions*. Tokyo, 2024.
19. National Center for Biotechnology Information (NCBI). *Human Microbiome Data Portal: Comparative Analyses 2020–2025*.

