МИКРОБИОЛОГИЯ И ВИРУСОЛОГИЯ

Статья поступила в редакцию: 07.10.2026
Статья принята к публикации: 20.10.2026
Статья опубликована: 07.11.2026

УДК 618.19 – 006.6+616.5+579.86

DOI: 10.32743/UniChem.2026.149.11.23590

Микробиоценоз кожи молочных желез у женщин репродуктивного возраста, больных раком молочной железы

Эркинова Нозима Равшанжановна
докторант (PhD)
кафедры микробиологии, вирусологии и иммунологии,
Ташкентский государственный медицинский университет
Республика Узбекистан, г. Ташкент
E-mail: nozima.erkinova96@mail.ru

Мухамедов Иламан Мухамедович
д-р мед. наук, проф., проф.
кафедры микробиологии, вирусологии и иммунологии,
Ташкентский государственный медицинский университет
Республика Узбекистан, г. Ташкент
E-mail: dr.ilaman@mail.ru

Skin microbiocenosis of the mammary glands in women of reproductive age with breast cancer

Erkinova Nozima Ravshanjanovna
PhD doctoral student
Department of Microbiology,
Virology and Immunology, Tashkent State Medical University
Republic of Uzbekistan, Tashkent

Mukhamedov Ilaman Mukhamedovich
doctor of Medical Sciences, Professor, Professor
of the Department of Microbiology,
Virology and Immunology, Tashkent State Medical University
Republic of Uzbekistan, Tashkent

Библиографическое описание: Эркинова Н.Р., Мухамедов И.М. Микробиоценоз кожи молочных желез у женщин репродуктивного возраста, больных раком молочной железы // Universum: химия и биология : электрон. научн. журн. 2026. 11(149). URL: https://7universum.com/ru/nature/archive/item/23590

Аннотация

Кожа является важным барьерным органом, а её нормальная микрофлора обеспечивает колонизационную резистентность. Данные о микробиоценозе кожи молочных желёз у женщин репродуктивного возраста, больных раком молочной железы (РМЖ), ограничены. Цель исследования — сравнительная оценка качественного и количественного состава микробиоты кожи поражённой и контралатеральной клинически интактной молочной железы у пациенток репродуктивного возраста с РМЖ после курса химиотерапии. Обследованы 82 женщины 20–50 лет с морфологически подтверждённым РМЖ III–IV стадии. Смывы с 1 см² кожи брали по методу Williamson и Kligman с посевом на кровяной агар, желточно-солевой агар, среды Эндо и Сабуро; обсеменённость выражали в КОЕ/см². Частоту выделения сравнивали критерием χ^2 (точным критерием Фишера), обсеменённость — t-критерием Стьюдента. С каждого участка выделено по 182 штамма 15 групп микроорганизмов. Преобладали стафилококки (48,4 % на интактной и 51,1 % на поражённой коже), доля гемолитически активных стафилококков составила 33 % и 41 % соответственно. На поражённой коже реже выделялись микрококки (4,4 % против 11,0 %; p = 0,030), а обсеменённость *Candida albicans* была выше (21,0±0,6 против 18,0±0,6 КОЕ/см²; p = 0,001); кроме того, здесь выделялись грибы родов *Aspergillus*, *Penicillium* и актиномицеты. По остальным группам различий не выявлено. Полученные данные указывают на снижение доли комменсальной микрофлоры и усиление грибковой колонизации кожи в зоне опухолевого поражения и требуют подтверждения в исследованиях с контрольной группой здоровых женщин.

Abstract

The normal skin microflora provides colonization resistance, but data on the skin microbiocenosis of the mammary glands in women of reproductive age with breast cancer are limited. The aim was to compare the skin microbiota of the affected and the contralateral clinically intact breast in women of reproductive age with breast cancer after chemotherapy. Eighty-two women aged 20–50 years with stage III–IV breast cancer were examined. Swabs from 1 cm² of skin (Williamson–Kligman technique) were cultured on blood agar, egg-yolk salt agar, Endo and Sabouraud media; microbial density was expressed in CFU/cm². Isolation frequencies were compared using the χ^2 or Fisher’s exact test, and densities using Student’s t-test. From each site, 182 strains of 15 microbial groups were isolated. Staphylococci predominated (48.4 % on intact and 51.1 % on affected skin); 33 % and 41 % of them, respectively, were hemolytic. On affected skin, micrococci were isolated less frequently (4.4 % vs 11.0 %; p = 0.030) and the density of *Candida albicans* was higher (21.0±0.6 vs 18.0±0.6 CFU/cm²; p = 0.001); *Aspergillus*, *Penicillium* and actinomycetes were also isolated there. The other groups did not differ. The findings suggest a decrease in commensal microflora and increased fungal colonization of tumor-affected skin and require confirmation in studies with a healthy control group.

Ключевые слова: рак молочной железы, микробиоценоз кожи, Staphylococcus, Micrococcus, Candida albicans, колонизационная резистентность, химиотерапия.

Keywords: breast cancer, skin microbiocenosis, Staphylococcus, Micrococcus, Candida albicans, colonization resistance, chemotherapy.

Введение

Рак молочной железы (РМЖ) является наиболее распространённым злокачественным новообразованием у женщин и одной из основных причин их онкологической смертности [6]. Кожа — важный барьерный орган, а её нормальная микрофлора обеспечивает колонизационную резистентность и препятствует заселению кожи условно-патогенными микроорганизмами [1, 5].

В последние годы микробиота молочной железы изучается как самостоятельный биотоп [7, 9, 12]. Дисбиоз рассматривается как один из факторов канцерогенеза, реализующийся через хроническое воспаление, нарушение метаболизма эстрогенов и повреждение ДНК [4, 8, 10]. Роль кожной микробиоты молочной железы изучена значительно меньше: нарушение её состава ассоциировано как со злокачественными, так и с доброкачественными заболеваниями молочной железы, и она рассматривается как возможный модифицируемый фактор риска [11].

На кожную микробиоту способна влиять и противоопухолевая терапия: в ходе лучевой терапии кожный микробиом больных РМЖ динамически меняется в связи с выраженностью кожной токсичности [3], а ранее нами показано влияние цитостатиков на микробные изоляты половых путей больных РМЖ in vitro [2]. Данные о кожном микробиоценозе молочной железы после химиотерапии у женщин репродуктивного возраста в литературе практически отсутствуют.

Целью настоящего исследования явилась сравнительная оценка качественного и количественного состава микробиоценоза кожи поражённой и контралатеральной клинически интактной молочной железы у пациенток репродуктивного возраста с раком молочной железы после курса химиотерапии.

Материалы и методы

Проведено одномоментное сравнительное исследование. Обследованы 82 женщины фертильного возраста (20–50 лет) с морфологически подтверждённым диагнозом РМЖ, находившиеся на стационарном лечении в отделении торакальной онкохирургии Ташкентского городского филиала Республиканского специализированного научно-практического медицинского центра онкологии и радиологии в период с июня по октябрь 2025 г. У всех пациенток диагностирована III–IV стадия заболевания. Материал для исследования забирали после проведённого курса химиотерапии.

Критерии включения: возраст 20–50 лет, морфологически верифицированный РМЖ III–IV стадии, завершённый курс химиотерапии, наличие письменного информированного добровольного согласия. Критерии исключения: приём системных антибактериальных препаратов в период, предшествующий обследованию; лучевая терапия на область молочной железы; изъязвление опухоли с выходом на кожу; сопутствующие заболевания кожи (экзема, псориаз и др.); нанесение антисептиков или наружных лекарственных средств на кожу молочной железы.

В качестве внутреннего контроля использовали кожу контралатеральной клинически интактной молочной железы той же пациентки; контрольная группа здоровых женщин не формировалась. Забор материала проводился с разрешения администрации лечебного учреждения; у всех пациенток было получено письменное информированное добровольное согласие на участие в исследовании.

Материал забирали с поверхности кожи поражённой молочной железы и с симметричного участка кожи контралатеральной клинически интактной молочной железы стерильными ватными тампонами, смоченными питательным бульоном, по методу Williamson и Kligman. Смыв производили с участка кожи площадью 1 см², ограниченного стерильным трафаретом с окном 1×1 см. Образцы помещали в стерильные транспортные контейнеры и доставляли в микробиологическую лабораторию в течение 2 ч в соответствии с правилами транспортировки биологического материала.

Материал высевали на кровяной агар, желточно-солевой агар, среду Эндо и агар Сабуро. Посевы инкубировали при температуре 37 °C в течение 48 ч, посевы на агаре Сабуро — в течение 72 ч.

Все выросшие колонии окрашивали по Граму; выделенные культуры идентифицировали по культуральным, морфологическим, биохимическим и антигенным свойствам. Гемолитическую активность стафилококков оценивали по наличию зоны гемолиза вокруг колоний на кровяном агаре. Грибы идентифицировали по характеру роста на агаре Сабуро и морфологическим признакам. Степень микробной обсеменённости оценивали по количеству колониеобразующих единиц на 1 см² поверхности кожи (КОЕ/см²).

Статистическую обработку проводили с использованием библиотеки SciPy (Python). Количественные показатели представлены в виде M±m (среднее ± стандартная ошибка среднего). Частоту выделения отдельных групп микроорганизмов (долю от общего числа штаммов, выделенных с данного участка) на интактных и поражённых участках сравнивали с помощью критерия χ^2 Пирсона с поправкой Йейтса, при ожидаемых частотах менее 5 — точного критерия Фишера; среднюю обсеменённость — с помощью t-критерия Стьюдента для неравных дисперсий (Уэлча). Различия считали статистически значимыми при $p < 0,05$.

Результаты и обсуждения

С кожи интактных и поражённых участков выделено по 182 штамма микроорганизмов, относящихся к 15 группам (табл. 1, рис. 1). Ведущее место на обоих участках занимали представители рода *Staphylococcus*: 88 штаммов (48,4 %) на интактной коже и 93 штамма (51,1 %) на поражённой ($p = 0,67$). Наиболее часто выделялся *S. aureus* (19,2 % и 22,5 % соответственно), далее *S. epidermidis* (12,6 % и 14,3 %) и *S. haemolyticus* (по 8,8 %). Доля гемолитически активных штаммов составила 33 % от числа стафилококков, выделенных с интактной кожи, и 41 % — с поражённой.

На поражённых участках статистически значимо реже выделялись микрококки (4,4 % против 11,0 %; $p = 0,030$); доля *Corynebacterium* spp. (8,8 % против 12,1 %) и *S. hominis* (1,1 % против 3,8 %) также была ниже, однако эти различия не достигли статистической значимости. *Candida albicans* выделялась на поражённой коже чаще (21,4 % против 14,3 %; p

= 0,101), а средняя обсеменённость ею была статистически значимо выше (21,0±0,6 против 18,0±0,6 КОЕ/см²; p = 0,001). Кроме того, на поражённых участках выделялись актиномицеты и плесневые грибы родов *Aspergillus* и *Penicillium*, не включённые в табл. 1.

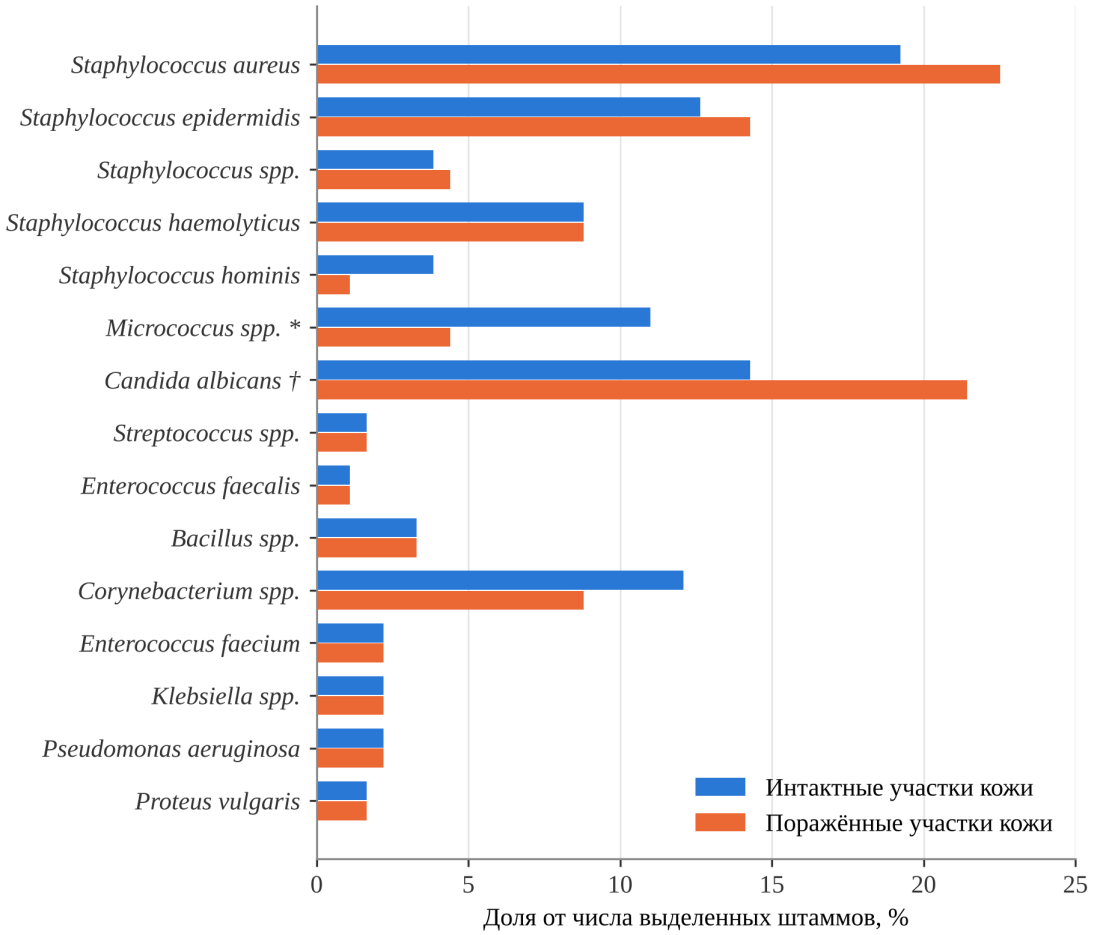
Частота выделения и обсеменённость грамотрицательных бактерий (*Klebsiella* spp., *Pseudomonas aeruginosa*, *Proteus vulgaris*), энтерококков, стрептококков и *Bacillus* spp. на интактных и поражённых участках не различались (p > 0,05). Средняя обсеменённость отдельных групп варьировала от 18,0–21,0 КОЕ/см² (*C. albicans*) до 617–619 КОЕ/см² (*Streptococcus* spp., *E. faecium*).

Таблица 1. Частота выделения и обсеменённость микроорганизмов на интактных и поражённых участках кожи молочной железы у женщин репродуктивного возраста с РМЖ (n = 82)

Группа микроорганизмов	Интактные участки кожи		Поражённые участки кожи		p_1	p_2
	абс. (%)	КОЕ/см²	абс. (%)	КОЕ/см²		
Staphylococcus aureus	35 (19,2)	410,2±20,1	41 (22,5)	420,0±24,0	0,519	0,755
Staphylococcus epidermidis	23 (12,6)	175,2±6,0	26 (14,3)	180,0±7,0	0,759	0,605
Staphylococcus spp.	7 (3,8)	65,3±3,0	8 (4,4)	66,0±3,0	1,000	0,872
Staphylococcus haemolyticus	16 (8,8)	90,0±6,0	16 (8,8)	90,2±6,0	1,000	0,981
Staphylococcus hominis	7 (3,8)	101,0±0,7	2 (1,1)	118,0±12,0	0,174*	0,391
Micrococcus spp.	20 (11,0)	88,1±12,0	8 (4,4)	115,0±8,0	**0,030**	0,074
Candida albicans	26 (14,3)	18,0±0,6	39 (21,4)	21,0±0,6	0,101	**0,001**
Streptococcus spp.	3 (1,6)	619,0±0,3	3 (1,6)	617,0±62,0	1,000*	0,977
Enterococcus faecalis	2 (1,1)	518,0±20,0	2 (1,1)	519,0±20,0	1,000*	0,975
Bacillus spp.	6 (3,3)	102,0±9,0	6 (3,3)	102,0±9,0	1,000	1,000
Corynebacterium spp.	22 (12,1)	124,0±5,0	16 (8,8)	125,0±5,0	0,391	0,888
Enterococcus faecium	4 (2,2)	617,0±62,0	4 (2,2)	617,0±62,0	1,000*	1,000
Klebsiella spp.	4 (2,2)	37,1±0,8	4 (2,2)	37,1±0,9	1,000*	1,000
Pseudomonas aeruginosa	4 (2,2)	38,1±5,0	4 (2,2)	37,2±5,0	1,000*	0,903
Proteus vulgaris	3 (1,6)	111,0±7,0	3 (1,6)	112,0±7,0	1,000*	0,924
Всего	**182 (100)**	—	**182 (100)**	—	—	—

*Примечание: абс. — число штаммов; % — доля от общего числа штаммов, выделенных с соответствующего участка (по 182); КОЕ/см² — M±m; p_1 — сравнение частоты выделения (критерий χ^2 с поправкой Йейтса, * — точный критерий Фишера); p_2 — сравнение обсеменённости (t-критерий Уэлча); полужирным выделены статистически значимые различия (p < 0,05). Помимо указанных групп, на поражённых участках выделялись актиномицеты и грибы родов Aspergillus и Penicillium.*

Распределение выделенных групп микроорганизмов на интактных и поражённых участках кожи представлено на рис. 1.



* p = 0,030 (частота выделения); † p = 0,001 (обсеменённость, КОЕ/см²)

Рисунок 1. Частота выделения микроорганизмов на интактных и поражённых участках кожи молочной железы (% от числа выделенных штаммов, n = 182 на каждом участке)

Полученные данные показывают, что состав культивируемой микробиоты кожи поражённой и контралатеральной молочной железы после курса химиотерапии в целом сходен: на обоих участках выделены одни и те же 15 групп микроорганизмов с преобладанием стафилококков. Это согласуется с представлениями о стафилококках, коринебактериях и микрококках как об основных компонентах аутохтонной микрофлоры кожи, состав которой определяется прежде всего физиологическими особенностями участка тела [5]. Сходство двух участков может отражать и системное воздействие химиотерапии на весь кожный покров, поэтому интактная кожа той же пациентки служит лишь относительным контролем.

Вместе с тем на поражённых участках выявлены различия, характерные для снижения колонизационной резистентности: уменьшение доли микрококков и коринебактерий и усиление грибковой колонизации (более высокая обсеменённость *C. albicans*, выделение *Aspergillus* и *Penicillium*). Комменсальная микрофлора кожи участвует в поддержании её барьерной функции и местного иммунного гомеостаза, а нарушение состава кожной микробиоты рассматривается как возможный модифицируемый фактор риска заболеваний молочной железы [5, 11]. Увеличение доли гемолитически активных стафилококков на поражённой коже (41 % против 33 %) может указывать на селекцию штаммов с более

выраженными факторами патогенности в зоне опухолевого процесса, однако без статистической оценки этого показателя и молекулярной характеристики штаммов данный вывод носит предварительный характер.

Сопоставление с данными литературы ограничено тем, что большинство работ посвящено микробиоте ткани, а не кожи молочной железы, и выполнено молекулярно-генетическими методами. По данным C. Urbaniak и соавт., в ткани молочной железы больных РМЖ повышено относительное содержание *Bacillus*, *Enterobacteriaceae* и *Staphylococcus*, тогда как *Corynebacterium* и *Micrococcus* представлены в меньшей степени [9]; T.J. Hieken и соавт. описали различия микробиоты ткани при доброкачественных и злокачественных заболеваниях молочной железы [7], C. Xuan и соавт. — между опухолевой и парной неизменённой тканью [12]. Снижение доли микрококков и коринебактерий на поражённой коже в нашем исследовании совпадает по направленности с данными C. Urbaniak и соавт., тогда как частота *Bacillus* spp. и энтеробактерий на двух участках не различалась, что может быть связано как с различиями биотопов (кожа и ткань железы), так и с ограниченной чувствительностью культурального метода.

Существенным фактором, способным влиять на кожную микробиоту, является противоопухолевая терапия. Показано, что в ходе лучевой терапии состав кожного микробиома у больных РМЖ динамически меняется и ассоциирован с кожной токсичностью [3]; ранее нами установлено, что цитостатики, применяемые при химиотерапии РМЖ, влияют на микробные изоляты половых путей in vitro [2]. Поскольку материал в настоящем исследовании забирали после курса химиотерапии, выявленные особенности могут отражать суммарное влияние опухолевого процесса и лечения; разделить эти факторы при выбранном дизайне невозможно.

Ограничения исследования: отсутствие контрольной группы здоровых женщин и обследования до начала лечения; сравнение участков проведено на уровне штаммов без учёта парного характера данных; в исследование включены только пациентки с III–IV стадией РМЖ; не проводилась стратификация по молекулярному подтипу РМЖ и схеме химиотерапии; культуральный метод не позволяет выявить анаэробные и некультивируемые таксоны; доля гемолитически активных стафилококков не подвергалась статистической оценке.

Заключение

1. Микробиота кожи как интактной, так и поражённой молочной железы у женщин репродуктивного возраста с РМЖ после курса химиотерапии представлена 15 группами микроорганизмов с преобладанием рода *Staphylococcus* (48,4 % и 51,1 % штаммов соответственно).

2. На коже в зоне опухолевого поражения реже выделялись микрококки ($p = 0{,}030$) и выше была обсеменённость *Candida albicans* ($p = 0{,}001$); дополнительно выделялись актиномицеты и грибы родов *Aspergillus* и *Penicillium*. По остальным группам микроорганизмов различий не выявлено.

3. Новизна работы состоит в сравнительной характеристике культивируемой микробиоты кожи поражённой и контралатеральной молочной железы у одних и тех же пациенток репродуктивного возраста после химиотерапии.

4. Перспективными направлениями являются обследование пациенток до начала и в динамике лечения, включение контрольной группы здоровых женщин, оценка связи кожной микробиоты с молекулярным подтипом РМЖ, кожной токсичностью терапии и прогнозом, а также применение молекулярно-генетических методов.

Список литературы

1. Мухамедов И.М. и др. Микроэкология важнейших биотопов тела человека. – Ташкент. – 2007. – 461 с.
2. Мухамедов И.М., Эркинова Н.Р. Характеристика чувствительности микробов, выделенных из гениталий женщин больных раком грудной железы, к препаратам, используемым при химиотерапии, в условиях in vitro // Журнал гуманитарных и естественных наук. – 2026. – № 1 (32). – С. 216–219. URL: https://journals.tnmu.uz/index.php/gtfj/article/view/4595.
3. Bai J., Gong C., Hu Y.J., Bruner D.W., Torres M.A., Buchwald Z.S., Lin J.Y. Skin Microbiome, Inflammation, and Skin Toxicities in Women With Breast Cancer Receiving Moderately Hypofractionated Radiation Therapy // International Journal of Radiation Oncology, Biology, Physics. – 2025. – Т. 122, № 5. – P. 1175–1185.
4. Bose C. Breast cancer and microbiome: a systematic review // BMC Women’s Health. – 2025. – Т. 25, № 1. – Art. 438. – DOI: 10.1186/s12905-025-03843-8.
5. Byrd A.L., Belkaid Y., Segre J.A. The human skin microbiome // Nature Reviews Microbiology. – 2018. – Т. 16, № 3. – P. 143–155. – DOI: 10.1038/nrmicro.2017.157.
6. Giaquinto A.N., Sung H., Miller K.D. et al. Breast Cancer Statistics // CA: A Cancer Journal for Clinicians. – 2024. – Т. 74, № 1. – P. 12–49. – DOI: 10.3322/caac.21868.
7. Hieken T.J., Chen J., Hoskin T.L. et al. The Microbiome of Aseptically Collected Human Breast Tissue in Benign and Malignant Disease // Scientific Reports. – 2016. – Т. 6. – Art. 30751. – DOI: 10.1038/srep30751.
8. Singh P.K., Rathi D., Shweliya M.A. et al. The interplay of the microbiome and breast cancer: beyond the gut: a narrative review // Annals of Medicine & Surgery. – 2025. – Т. 87. – P. 8496–8507. – DOI: 10.1097/MS9.0000000000004108.
9. Urbaniak C., Gloor G.B., Brackstone M., Scott L., Tangney M., Reid G. The Microbiota of Breast Tissue and Its Association with Breast Cancer // Applied and Environmental Microbiology. – 2016. – Т. 82, № 16. – P. 5039–5048. – DOI: 10.1128/AEM.01235-16.
10. Wang J., Xu D., Hu S., Zheng B., Chen Y., Pan T. The impact of microbiome on breast cancer and regulatory strategies // Microorganisms. – 2024. – Т. 12, № 1. – DOI: 10.3390/microorganisms12010075.
11. Wang K., Nakano K., Naderi N., Bajaj-Elliott M., Mosahebi A. Is the skin microbiota a modifiable risk factor for breast disease?: A systematic review // Breast. – 2021. – Т. 59. – P. 279–285. – DOI: 10.1016/j.breast.2021.07.014.

12. Xuan C., Shamonki J.M., Chung A., Dinome M.L., Chung M., Sieling P.A., Lee D.J. Microbial Dysbiosis Is Associated with Human Breast Cancer // PLoS One. – 2014. – T. 9, № 1. – DOI: 10.1371/journal.pone.0083744.

References

1. Mukhamedov I.M. i dr. [Microecology of the most important biotopes of the human body]. – Tashkent. – 2007. (In Russ.).
2. Mukhamedov I.M., Erkinova N.R. [Characterization of the sensitivity of microbes isolated from the genitalia of women with breast cancer to drugs used in chemotherapy under in vitro conditions] // Zhurnal gumanitarnykh i estestvennykh nauk. – 2026. – No. 1 (32) [Электронный ресурс]. – URL: https://journals.tnmu.uz/index.php/gtfj/article/view/4595 (accessed: 20.10.2026). (In Russ.).
3. Bai J., Gong C., Hu Y.J., Bruner D.W., Torres M.A., Buchwald Z.S., Lin J.Y. Skin Microbiome, Inflammation, and Skin Toxicities in Women With Breast Cancer Receiving Moderately Hypofractionated Radiation Therapy // International Journal of Radiation Oncology, Biology, Physics. – 2025. – Vol. 122, No. 5. – P. 1175–1185.
4. Bose C. Breast cancer and microbiome: a systematic review // BMC Women's Health. – 2025. – Vol. 25, No. 1. – Art. 438. – DOI: 10.1186/s12905-025-03843-8.
5. Byrd A.L., Belkaid Y., Segre J.A. The human skin microbiome // Nature Reviews Microbiology. – 2018. – Vol. 16, No. 3. – P. 143–155. – DOI: 10.1038/nrmicro.2017.157.
6. Giaquinto A.N., Sung H., Miller K.D. et al. Breast Cancer Statistics // CA: A Cancer Journal for Clinicians. – 2024. – Vol. 74, No. 1. – P. 12–49. – DOI: 10.3322/caac.21868.
7. Hieken T.J., Chen J., Hoskin T.L. et al. The Microbiome of Aseptically Collected Human Breast Tissue in Benign and Malignant Disease // Scientific Reports. – 2016. – Vol. 6. – Art. 30751. – DOI: 10.1038/srep30751.
8. Singh P.K., Rathi D., Shweliya M.A. et al. The interplay of the microbiome and breast cancer: beyond the gut: a narrative review // Annals of Medicine & Surgery. – 2025. – Vol. 87. – P. 8496–8507. – DOI: 10.1097/MS9.0000000000004108.
9. Urbaniak C., Gloor G.B., Brackstone M., Scott L., Tangney M., Reid G. The Microbiota of Breast Tissue and Its Association with Breast Cancer // Applied and Environmental Microbiology. – 2016. – Vol. 82, No. 16. – P. 5039–5048. – DOI: 10.1128/AEM.01235-16.
10. Wang J., Xu D., Hu S., Zheng B., Chen Y., Pan T. The impact of microbiome on breast cancer and regulatory strategies // Microorganisms. – 2024. – Vol. 12, No. 1. – DOI: 10.3390/microorganisms12010075.
11. Wang K., Nakano K., Naderi N., Bajaj-Elliott M., Mosahebi A. Is the skin microbiota a modifiable risk factor for breast disease?: A systematic review // Breast. – 2021. – Vol. 59. – P. 279–285. – DOI: 10.1016/j.breast.2021.07.014.
12. Xuan C., Shamonki J.M., Chung A., Dinome M.L., Chung M., Sieling P.A., Lee D.J. Microbial Dysbiosis Is Associated with Human Breast Cancer // PLoS One. – 2014. – Vol. 9, No. 1. – DOI: 10.1371/journal.pone.0083744.