

DESVENDANDO A MICROBIOTA DO COURO CABELUDO: UMA REVISÃO INTEGRATIVA

MONTANDON, Maria Julia Theodoroviz; ROCHA, Márcia Santos da
majuh.tm@gmail.com

Centro de Pós-Graduação, Pesquisa e Extensão Oswaldo Cruz

Resumo: *A pele é o maior órgão do corpo humano e é dividida, da camada mais superficial para a mais profunda em epiderme, derme e hipoderme. Não sendo apenas um tecido epitelial, a pele também possui seus anexos, são eles: o pelo, a unha e as glândulas sudorípara e sebácea, sendo desta última onde se originam os folículos pilosos (ou pelos). Na pele, habitam microrganismos que vivem em harmonia com o organismo humano e sua complexa comunidade chamada microbiota, formada por bactérias, fungos, vírus e artrópodes. Um indivíduo raramente ficaria doente com sua própria microbiota, a menos que estivesse imunocomprometido. Em toda a extensão da pele existe uma microbiota habitante e o couro cabeludo não poderia ser diferente. Por se tratar de uma região com um número extenso de folículos pilosos, sua microbiota é um pouco diferente do resto do corpo.*

Palavras-chave: Microbiota. Couro cabeludo. Revisão.

1 INTRODUÇÃO

A pele é o maior órgão do corpo humano. É composta, principalmente, pelo tecido epitelial, como diversos outros órgãos, com a diferença que ela isola o ambiente externo, o qual traz consigo diversos tipos de agressões, do ambiente interno, que é um ambiente estéril, perfeitamente equilibrado (HARRIS, 2016, pp. 15-16). A pele é considerada uma barreira física, química e biológica ao ambiente. Vejamos algumas funções inerentes da pele: proteção contra agentes externos; secreção de líquidos (suor); controle da homeostasia (temperatura); metabolismo de vitamina D pela absorção e transformação da luz ultravioleta; além da função sensorial - tato, dor, percepção da temperatura quente e frio, entre outros... (Vivier, 1997, pp. 201-212). Basicamente, a pele é dividida em 3 camadas: epiderme, derme e hipoderme.

A epiderme é a camada mais superficial, sendo considerada a barreira física da pele. Apesar das células justapostas para prevenir a entrada de agentes agressores, a epiderme possui orifícios para a passagem dos folículos pilossebáceos e para a saída de líquidos pelas glândulas sudoríparas. Ela não possui vasos sanguíneos, então recebe os nutrientes via difusão direta. Possui 4 estratos bem distintos: córneo, granuloso, espinhoso e basal. O estrato basal possui células-tronco e elas dão origem às células das outras camadas, uma vez que a cada ciclo de mitose, as células são “empurradas” para cima. O estrato espinhoso possui esse nome, porque as células são conectadas por desmossomos, estruturas que parecem espinhos ao serem visualizadas no microscópio. O estrato granuloso possui a presença de grânulos de queratina, uma forma mais compacta dos desmossomos e é diferente porque as células estão mais envelhecidas. O estrato córneo é a parte mais externa da epiderme e é constituído por células mortas, restos celulares, corpos lamelares e queratina (HARRIS, 2016, pp. 19-25).

Em algumas partes do corpo humano, como a palma das mãos e a planta dos pés, existe um quinto estrato da epiderme chamado de estrato lúcido e ele é formado pela alta intensidade de atrito que essa região possui com o ambiente externo (HARRIS, 2016, pp. 25).

A derme é a camada intermediária, formada principalmente por tecido conjuntivo, ela compõe a parte estrutural e de sustentação da pele. É nela que as glândulas sebácea e sudorípara têm a sua origem. Possui uma complexa rede de vasos sanguíneos, nervos, macrófagos, fibroblastos, que geram os componentes estruturais e de sustentação (colágeno, ácido hialurônico, elastina), entre outros componentes. Suas principais funções são: regulação da temperatura corporal e defesa imunológica – caso a primeira defesa, a epiderme, falhe (HARRIS, 2016, pp. 33–37).

A hipoderme, também chamada de tecido adiposo, era considerada apenas um órgão de armazenamento de energia, mas diversos estudos têm apontado que ela também possui função endócrina com a produção e liberação de peptídeos bioativos com função hormonal (HARRIS, 2016, pp. 93).

A glândula sebácea geralmente está associada a um folículo piloso em diversas regiões do organismo – inclusive no couro cabeludo, originando o cabelo. Essa glândula secreta um conteúdo lipídico, o qual usualmente é chamado de “sebo”, e sua produção sebo é mediada intensamente por hormônios androgênicos – principalmente a testosterona (Roh, *et al.*, 2006, pp. 890-894). O sebo é uma mistura de: triglicerídeos, ésteres de ácidos graxos, ceras esterificadas, esqualeno e ésteres de colesterol (SAINT-LÉGER, D., 2003, pp. 15-33). Sua função é a proteção física da pele, impedindo que microrganismos cheguem a partes mais internas do organismo, a regulação da temperatura, pois atua como um isolante térmico – evitando a perda de água transepidermal (HARRIS, 2016, pp. 41–43).

Os pelos, como um anexo da pele, possuem funções semelhantes, tais como: sensorial (nas regiões dos braços e pernas) e proteção (exemplo: sobrancelhas e cílios). O pelo possui sua origem no folículo, uma estrutura anexa à glândula sebácea, por isso que ao se referir ao folículo capilar, diz-se folículo pilossebáceo, pois é uma estrutura única e complexa (HARRIS, 2016, pp. 73 – 76).

Apesar de os microrganismos serem considerados popularmente como agentes agressores ao organismo, a nossa pele é habitada por milhões de diversos tipos de bactérias, vírus e fungos e a essa população é dada o nome de microbiota ou microbioma. A composição da microbiota varia de acordo com a região da pele, podendo depender do pH, temperatura, hidratação, e composição do sebo de uma mesma pessoa (BYRD, BELKAID e SEGRE, 2018 e LANGAN *et al.*, 2018) Uma ampla variedade de fatores externos, tais como: parto normal ou cesárea, exposição solar, temperatura, umidade, hábitos e estilos de vida e cosméticos utilizados, juntamente com a predisposição genética a microbiotas características, configura o microbioma da pele (GOODRICH *et al.*, 2017; PRESCOTT *et al.*, 2017).

Um indivíduo raramente ficaria doente por causa de sua microbiota, a menos que ele seja imunocomprometido (Rosenthal *et al.*, 2011, pp. 839-848). A patogenicidade de um microrganismo da microbiota depende tanto de sua virulência, quanto pela integridade da camada mais externa da pele (HARRIS, 2016, pp. 196).

A pele deveria ser percebida como uma complexa entidade de proteção do organismo, pois possui 3 mecanismos diferentes de barreira: física, química e biológica. Física, por causa de suas células da epiderme justapostas, corpos lamelares e o sebo produzido pela glândula

sebácea. Química, porque são produzidos diversas substâncias microbicidas secretadas pelas glândulas sudoríparas e ácidos graxos livres produzidos pelas glândulas sebáceas, além da pele possuir um pH ácido. Biológica, porque além das próprias células, existe uma diversa população de microrganismos vivendo em harmonia com o organismo habitado (HARRIS, 2016, pp. 196-204).

Na superfície da pele, existe um diverso ecossistema vivendo em uma relação ecológica harmônica, porém, caso haja alguma perturbação nesse equilíbrio, a consequência poderá ser doenças de pele ou infecções. As perturbações podem ser tanto externas – tais como: produtos de higiene pessoal, perfumaria e cosméticos, temperatura do ar, umidade do ar, concentração de oxigênio, uso de antibióticos, entre outros -, quanto internas – tais como: temperatura corporal, idade, sexo, sistema imunológico, alimentação, entre outros (HARRIS, 2016, pp. 196-202).

Antigamente, os estudos do microbioma da pele foram baseados nas técnicas de cultivo e isolamento e, portanto, muitas espécies fastidiosas (as quais só crescem em meios de cultura com condições nutricionais excepcionais) não foram admitidas como parte do microbioma da pele humana. Com a descoberta e avanço das técnicas moleculares de identificação, o microbioma pode ser revisto e reavaliado. Duas técnicas contribuíram muito nessa reavaliação: usar sequências de rRNA 16S e o metagenoma (HARRIS, 2016, pp. 204-206; SCHOMMER e GALLO, 2013).

A composição bacteriana da pele foca em 4 principais filos: Actinobacteria, Firmicutes, Proteobacteria e Bacterioides, como foi caracterizado por Grice *et al.* 2009. Os 3 gêneros mais comumente encontrados foram: Corynebacteria, Propionibacteria e Staphylococci. A maioria dos estudos de microbioma humano foca principalmente na variedade bacteriana, mas fungos, artrópodes e vírus também são importantes e vêm sendo cada vez mais estudados (SCHOMMER e GALLO, 2013). A composição fúngica da pele em geral é de, principalmente, espécies variadas de *Malassezia*, mas na área dos pés outras espécies foram encontradas, tais como: *Aspergillus*, *Rhodotorula*, *Cryptococcus* e *Epicoccum* (FINDLEY et al., 2013).

Um artrópode foi encontrado colonizando a pele humana: *Demodex*, principalmente na área do couro cabeludo ou em locais com muita presença de pelo, uma vez que esse ácaro habita áreas lipídicas (LACEY, RAGHALLAIGH e POWELL, 2011). Pouco se sabe sobre a população de vírus que compõe a microbiota da pele humana e isso se deve a alguns motivos: dificuldade de cultivar vírus em cultura de células e a escassez de ácido nucleico hibridizado conhecido para sequências virais (SCHOMMER e GALLO, 2013). Por isso é tão importante investir em estudos científicos para que cada vez mais haja a evolução de técnicas moleculares ou então a descoberta de outras técnicas mais avançadas.

O couro cabeludo também possui sua própria microbiota, diferente de outras áreas da pele e varia entre indivíduos. Quando se trata de estudos acerca da microbiota local, não existem estudos específicos para o tema, contudo, há estudos relacionando essa microbiota com distúrbios, como alopecia, dermatite seborreica e psoríase (BEDIN, 2019; SAXENA, 2018; TAO e WANG, 2021).

Meloni *et al.* (2021) fez um estudo para reproduzir a comunidade microbiota do couro cabeludo e colonizar com *Cutibacterium acnes* e *Malassezia restricta* para analisar a interação entre essas duas espécies com o couro cabeludo humano. A metodologia utilizada nesse estudo foi a Reconstrução da Epiderme Humana (REH) – um tipo de modelo 3D para reproduzir melhor as condições *in vivo*. A conclusão do estudo foi que a comunidade do couro cabeludo é

composta, principalmente pelos seguintes gêneros: *Staphylococcus* spp., *Propionibacterium* spp. e *Malassezia* spp. Além disso, foi determinado que a colonização com *C. anes* não gerou graves modificações no tecido, porém, a colonização com *M. restricta* gerou uma visível disfunção de barreira e toxicidade ao tecido.

O couro cabeludo, por se tratar de uma área com – geralmente – muito mais folículos pilosos que o resto do corpo, é um alvo muito interessante de estudo, pois a região folículo piloso possui uma composição de mistura de lipídios (conhecida popularmente como sebo), detritos de poluição e a própria microbiota (WEYRICH, 2015; PRESCOTT, 2017; CHEN, FISCHBACH e BELKAID, 2018; MONTES e WILBORN, 1970). Alguns estudos apontam que indivíduos que possuem o couro cabeludo oleoso possuem um maior número de microrganismos que estão relacionados ao aparecimento de caspa (XU *et al.*, 2016).

Bem como em outras regiões do corpo, a microbiota do couro cabeludo também aparenta estar relacionada ao estado geral da pele e de seus folículos pilosos, estando ela: normal ou patológica, sendo a microbiota temporária ou permanente e isso faz com que exista um vínculo entre a microbiota e o sistema imune (POLAK-WITKA *et al.*, 2020; MA *et al.*, 2019).

Alguns microrganismos não são patogênicos para o ser humano e podem viver em harmonia, porém, como são um agente externo do organismo, são reconhecidos como antígenos, mesmo não causando doenças e, por isso, na região dos folículos pilosos é muito comum encontrar células imunológicas, como as apresentadoras de antígenos, apesar de serem em um número reduzido. Além disso, nessa região também é encontrado um gradiente de mediadores imunossupressores e é por isso que existe um equilíbrio entre a microbiota e seu hospedeiro. O elemento chave para o surgimento de doenças no couro cabeludo é exatamente a ruptura desse equilíbrio apresentado (POLAK-WITKA *et al.*, 2020; HARRIES *et al.*, 2018; PAUS, BULFONE-PAUS e BERTOLINI, 2018; BLUME-PEYTAVI, WHITING e TRUEB, 2008).

2 DESENVOLVIMENTO

De acordo com os estudos e informações apresentados, é um fato a percepção de como todos se complementam.

Quanto a informação acerca da microbiota poder causar uma patogenicidade, os Harris (2016) e Rosenthal *et al.* (2011) se sustentam.

De fato, como Meloni *et al.* (2021) concluiu em seu artigo, os gêneros *Staphylococcus* spp., *Propionibacterium* spp. e *Malassezia* spp. são os principais habitantes do couro cabeludo e essa informação pode ser confirmada pelos autores: Grice *et al.* (2009), McGinley (1975), Grimshaw *et al.* (2012) e Polak-Witka *et al.* (2020).

São poucos os autores que focam na composição fúngica da pele, são eles: Schommer e Gallo (2013) e Findley *et al.* (2013) e isso se deve pelo fato de que fungos são mais fastidiosos que as bactérias, ou seja, são microrganismos que necessitam de nutrientes específicos para seu crescimento. Porém, com o avanço da Ciência e da tecnologia, existem técnicas de biologia molecular que dispensam o crescimento de microrganismos para sua identificação. Dessa forma, acredita-se que haverá um maior avanço na identificação das diferentes espécies de microrganismos da microbiota.

Sobre artrópodes e vírus encontrados na pele humana, foram encontrados apenas 2 estudos sobre: Lacey, Raghallaigh e Powell (2011) e Schommer e Gallo (2013). Em relação aos artrópodes, sua detecção pode ser mais fácil por se tratar de animais, com células mais complexas, porém, justamente por serem animais, é complicado determinar se são indivíduos

permanentes ou transitórios na microbiota. No que diz respeito aos vírus, sua identificação por anos foi dificultada pelo fato de que eles são cultiváveis apenas em culturas de células e esse tipo de cultura é muito delicada por se tratar de um ambiente muito complexo: deve se atentar às células, ao meio nutricional, não pode haver movimentação brusca da cultura, não pode haver contaminação, entre outros fatores, os quais fazem com que esse tipo de metodologia seja muito frágil. No entanto, assim como foi citado anteriormente, com o avanço científico e tecnológico, a biologia molecular é uma nova aliada no que se refere a identificação de microrganismos, pois não é necessário o crescimento desses microrganismos.

A maioria dos estudos encontrados quando pesquisado “microbiota do couro cabeludo” abordam distúrbios e doenças quando existe um desequilíbrio, seja em quantidade de microrganismos ou de lipídios encontrados no couro cabeludo. São esses os artigos: Blume-Peytavi, Whiting e Trueb (2008), Harries *et al.* (2018), Langan *et al.* (2018), Ma *et al.* (2019), McGinley *et al.* (1975), Meloni *et al.* (2021), Paus, Bulfone-Paus e Bertolini (2018), Polak-Witka *et al.* (2020), Rosenthal *et al.* (2011), Saxena *et al.* (2018), Tao e Wang (2021), Weyrich *et al.* (2015) e Xu *et al.* (2016).

3 CONSIDERAÇÕES FINAIS

Conforme os argumentos e artigos apresentados, é perceptível que a sua abordagem esteja mais relacionada sobre distúrbios e doenças do couro cabeludo e sua relação com a microbiota habitante do que essa última em si. Seria interessante que fosse feito, em abordagens futuras, mais revisões sobre a especificidade da microbiota: as espécies componentes, qual seu meio nutritivo (além dos lipídios presentes na região do folículo piloso), a interação específica do sistema imune com os microrganismos (não apenas quais as células imunes estão presentes no local, mas se existem fatores de crescimento, anticorpos ou mesmo interleucinas). Esse tipo de perspectiva pode gerar inspirações para trabalhos futuros e melhores elucidações de como manter um bom equilíbrio entre a microbiota e seu hospedeiro.

REFERÊNCIAS

BEDIN, Valcinir. Microbiota do cabelo e do couro cabeludo. *In: Microbiota do cabelo e do couro cabeludo*. Cosmetics Online: Tecnopress Editora, 2019. Disponível em: <https://www.cosmeticsonline.com.br/noticias/detalhes-colunas1/1008/microbiota-do-cabelo-e-do-couro-cabeludo>. Acesso em: 23 out. 2021.

BLUME-PEYTAVI, Ulrike; WHITING, David A.; TRÜEB, Ralph M. (Ed.). **Hair growth and disorders**. Springer Science & Business Media, 2008.

BYRD AL, BELKAID Y, SEGRE JA. The human skin microbiome. *Nat Rev Microbiol*. 2018 Mar;16(3):143-155. Acesso em: 9 nov. 2021

CHEN, Y. Erin; FISCHBACH, Michael A.; BELKAID, Yasmine. Skin microbiota–host interactions. **Nature**, v. 553, n. 7689, p. 427-436, 2018.

FINDLEY, K. et al. Topographic diversity of fungal and bacterial communities in human skin. *Nature*, v. 498, n. 7454, p. 367–370, 2013.

GOODRICH, J. K. *et al.* The Relationship between the Human Genome and Microbiome Comes into View. *Annual Review of Genetics*. Annual Reviews Inc., 27 nov. 2017. Acesso em: 14 nov. 2021

GRICE, E. A. *et al.* Topographical and temporal diversity of the human skin microbiome. *Science*, v. 324, n. 5931, p. 1190–1192, 29 maio 2009. Acesso em: 13 nov. 2021

GRIMSHAW, Sally *et al.* The human scalp microbiome: Application of next generation sequencing of microbial communities. In: **Journal of the American Academy of Dermatology**. 360 PARK AVENUE SOUTH, NEW YORK, NY 10010-1710 USA: MOSBY-ELSEVIER, 2012. p. AB62-AB62.

HARRIES, Matthew J. *et al.* Lichen planopilaris and frontal fibrosing alopecia as model epithelial stem cell diseases. **Trends in molecular medicine**, v. 24, n. 5, p. 435-448, 2018.

HARRIS, Maria Inês. *Pele – do nascimento a maturidade*. São Paulo: Senac São Paulo, 1ª edição, 2016.

LACEY, Noreen; RAGHALLAIGH, Síona Ní; POWELL, Frank C. Demodex mites-commensals, parasites or mutualistic organisms?. **Dermatology**, v. 222, n. 2, p. 128, 2011.

LANGAN, E. A. *et al.* The role of the microbiome in psoriasis: moving from disease description to treatment selection? *British Journal of Dermatology*. Blackwell Publishing Ltd, 1 Mai 2018. Acesso em: 15 nov. 2021

MA, Li *et al.* Sensitive scalp is associated with excessive sebum and perturbed microbiome. **Journal of Cosmetic Dermatology**, v. 18, n. 3, p. 922-928, 2019.

MCGINLEY, Kenneth J. *et al.* Quantitative microbiology of the scalp in non-dandruff, dandruff, and seborrheic dermatitis. **Journal of Investigative Dermatology**, v. 64, n. 6, p. 401-405, 1975.

MELONI, Marisa *et al.* Reproducing the scalp microbiota community: co-colonization of a 3D reconstructed human epidermis with *C. acnes* and *M. restricta*. **International Journal of Cosmetic Science**, v. 43, n. 2, p. 235-245, 2021.

MONTES, Leopoldo F.; WILBORN, Walter H. Anatomical location of normal skin flora. **Archives of Dermatology**, v. 101, n. 2, p. 145-159, 1970.

PAUS, Ralf; BULFONE-PAUS, Silvia; BERTOLINI, Marta. Hair follicle immune privilege revisited: the key to alopecia areata management. In: **Journal of Investigative Dermatology Symposium Proceedings**. Elsevier, 2018. p. S12-S17.

POLAK-WITKA, Katarzyna *et al.* The role of the microbiome in scalp hair follicle biology and disease. **Experimental Dermatology**, v. 29, n. 3, p. 286-294, 2020.

PRESCOTT, S. L. *et al.* The skin microbiome: Impact of modern environments on skin ecology, barrier integrity, and systemic immune programming. *World Allergy Organization Journal*. BioMed Central Ltd, 22 ago. 2017. Acesso em: 15 nov. 2021

VIVIER, A. du. *Atlas de dermatologia clínica*. 2ª ed. São Paulo: Manole, 1997

ROH, M. *et al.* “Sebum output as a factor contributing to the size of facial pores”. *Em British Journal of Dermatology*, vol. 155, 2006. Acesso em: 9 nov. 2021.

ROSENTHAL, M. *et al.* “Skin microbiota: microbial community structure and its potential association with health and disease”. *Em Infection, Genetics and Evolution*, vol. 11, 2011. Acesso em: 10 nov. 2021

SAINT-LÉGER, D. “Fonction sébacée normale et pathologique: des recherches au milieu du gué? Normal and Pathologic Sebaceous Function”. *Em Pathologie Biologie*, vol. 51, 2003. Acesso em: 9 nov. 2021

SAXENA, R. *et al.* Comparison of Healthy and Dandruff Scalp Microbiome Reveals the Role of Commensals in Scalp Health. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, v. 8, 4 out. 2018. Acesso em 01/11/2021.

SCHOMMER, N. N.; GALLO, R. L. Structure and function of the human skin microbiome. *Trends in Microbiology*, dez. 2013.

TAO, R.; LI, R.; WANG, R. Skin microbiome alterations in seborrheic dermatitis and dandruff: A systematic review. *Experimental Dermatology*. John Wiley and Sons Inc, 1 out. 2021. Acesso em: 1 nov. 2021

WEYRICH, Laura S. *et al.* The skin microbiome: Associations between altered microbial communities and disease. ***Australasian journal of dermatology***, v. 56, n. 4, p. 268-274, 2015

XU, Z. *et al.* Dandruff is associated with the conjoined interactions between host and microorganisms. *Scientific Reports*, v. 6, 12 maio 2016. Acesso em 1 nov. 2021