



CENTRO UNIVERSITÁRIO GOYAZES – UNIGOYAZES
CURSO DE BIOMEDICINA

**DISBIOSE INTESTINAL EM PACIENTES COM ACNE VULGAR:
MECANISMOS FISIOPATOLÓGICOS E ABORDAGENS TERAPÊUTICAS**

Andreyna Silva Carvalho
Rosane Alves Barbosa
Vitória Gabriely Pereira Paiva

Orientador: Prof. Esp.^a Maria Clara Lizarda Afonso

Trindade-GO
2026

CENTRO UNIVERSITÁRIO GOYAZES – UNIGOYAZES
CURSO DE BIOMEDICINA

**DISBIOSE INTESTINAL EM PACIENTES COM ACNE VULGAR: MECANISMOS
FISIOPATOLÓGICOS E ABORDAGENS TERAPÊUTICAS**

Andreyna Silva Carvalho
Rosane Alves Barbosa
Vitória Gabriely Pereira Paiva

**Trabalho de Conclusão de Curso
apresentado ao Centro Universitário
Goyazes – UniGoyazes como requisito
para obtenção do título de Bacharel em
Biomedicina.**

Orientador: Prof. Esp.^a Maria Clara Lizarda Afonso

Trindade - GO
2026

Andreyana Silva Carvalho
Rosane Alves Barbosa
Vitória Gabriely Pereira Paiva

**DISBIOSE INTESTINAL EM PACIENTES COM ACNE VULGAR: MECANISMOS
FISIOPATOLÓGICOS E ABORDAGENS TERAPÊUTICAS**

Trabalho de Conclusão de Curso
apresentado ao Centro Universitário
Goyazes – UniGoyazes como requisito
parcial à obtenção do título de Bacharel
em Biomedicina, aprovada pela seguinte
banca examinadora

Prof. Esp.^a Maria Clara Lizarda Afonso
Centro Universitário Goyazes

Prof. Dr. Relton Romeis de Oliveira
Centro Universitário Goyazes

Esp.^a Celeste Lobo
Celeste Lobo

Trindade - GO
16/06/2026

DISBIOSE INTESTINAL EM PACIENTES COM ACNE VULGAR: MECANISMOS FISIOPATOLÓGICOS E ABORDAGENS TERAPÊUTICAS

Andreyana Silva Carvalho¹; Rosane Alves Barbosa¹; Vitória Gabriely Pereira Paiva¹;
Maria Clara Lizarda Afonso²

RESUMO

INTRODUÇÃO: A acne vulgar é uma dermatose inflamatória crônica que afeta a qualidade de vida. Embora a microbiota intestinal equilibre o eixo intestino-pele, a disbiose induz um estado pró-inflamatório que desencadeia a doença. **OBJETIVO:** O objetivo desta revisão é analisar os estudos científicos publicados dos mecanismos da microbiota intestinal que influenciam a acne e estratégias terapêuticas. **METODOLOGIA:** A pesquisa foi realizada por meio de revisão bibliográfica integrativa de estudos clínicos e revisões recentes. **RESULTADOS:** Os resultados apontam que a disbiose intestinal compromete a barreira do intestino e eleva a permeabilidade. Isso permite a translocação de endotoxinas e metabólitos na corrente sanguínea, o que promove inflamação subclínica, agravando as lesões acneicas. Todavia, probióticos e ômega-3 revertem esse quadro e restauram a eubiose. **CONSIDERAÇÕES FINAIS:** Conclui-se que a desregulação intestinal é crucial na acne. O manejo clínico deve incluir intervenções dietéticas e modulação da microbiota para restaurar o eixo intestino-pele e obter resultados sustentáveis.

Palavras-chave: Acne vulgar. Microbiota intestinal. Disbiose. Eixo intestino-pele. Dietoterapia.

GUT DYSBIOSIS IN PATIENTS WITH ACNE VULGARIS: PATHOPHYSIOLOGICAL MECHANISMS AND THERAPEUTIC APPROACHES

ABSTRACT

INTRODUCTION: Acne vulgaris is a chronic inflammatory dermatosis that affects quality of life. Although the gut microbiota balances the gut-skin axis, dysbiosis induces a pro-inflammatory state that triggers the disease. **OBJECTIVE:** The objective of this review is to analyze published scientific studies on the mechanisms of the gut microbiota that influence acne and therapeutic strategies. **METHODOLOGY:** The research was conducted through an integrative literature review of recent clinical studies and reviews. **RESULTS:** The results point out that intestinal dysbiosis compromises the gut barrier and increases permeability. This allows the translocation of endotoxins and metabolites into the bloodstream, which promotes subclinical inflammation, worsening acne lesions. However, probiotics and omega-3 reverse this condition and restore eubiosis. **FINAL CONSIDERATIONS:** It is concluded that gut dysregulation is crucial in acne. Clinical management should include dietary interventions and microbiota modulation to restore the gut-skin axis and achieve sustainable results.

Keywords: Acne vulgaris. Gut microbiota. Dysbiosis. Gut-skin axis. Dietotherapy.

¹ Acadêmico do Curso de Biomedicina do Centro Universitário Goyazes – UniGoyazes

² Orientador: Prof. Especialista, do Centro Universitário Goyazes – UniGoyazes

Dedicamos este trabalho a Deus, por nos guiar em nosso sonho e nos manter no propósito, e às nossas famílias, pelo apoio, incentivo e compreensão durante todo o percurso acadêmico.

INTRODUÇÃO

A acne vulgar é uma condição inflamatória crônica da pele que compromete as unidades pilosebáceas (SÁNCHEZ-PELLICER *et al.*, 2022). Normalmente, apresenta-se na forma de pápulas, pústulas ou nódulos, predominando no rosto, embora possa atingir a região superior dos braços, o tronco e as costas. A acne vulgar acomete aproximadamente 9% da população mundial e cerca de 85% dos indivíduos entre 12 e 24 anos (TANG *et al.*, 2024). A elevada prevalência da patologia implica repercussões psicossociais severas, prejudicando a autoestima e a autoconfiança. Consequentemente, as manifestações da acne comprometem substancialmente o bem-estar e a qualidade de vida dos pacientes.

A patologia da acne é complexa e resulta da interação de múltiplos fatores que, em conjunto, criam o ambiente propício para o surgimento e progressão da acne. Primordialmente, incluem o aumento da produção de sebo, a hiperplasia de glândulas sebáceas sob ação dos andrógenos, a obstrução dos ductos, pela maior descamação dos queratinócitos, a proliferação de certas cepas de *Cutibacterium acnes* e a infiltração de células inflamatórias (SÁNCHEZ-PELLICER *et al.*, 2022).

Mesmo que a acne seja considerada uma dermatose localizada, estudos científicos modernos apontam influências sistêmicas. A microbiota intestinal constitui um ecossistema complexo e dinâmico que apresenta grande diversidade e promove a homeostase intestino-pele (MAHMUD *et al.*, 2022). Composta por trilhões de microrganismos, incluindo bactérias, vírus, fungos e protozoários, que habitam o trato gastrointestinal e desempenham funções essenciais no organismo, como digestão, produção de vitaminas, modulação do sistema imunológico e manutenção da barreira intestinal (FERREIRA; ANDRADE; MAYNARD, 2023; PEREIRA; PATERNO, 2025).

Contudo, o desequilíbrio qualitativo e quantitativo da microbiota intestinal, conhecido como disbiose, compromete a integridade da barreira do intestino, pois aumenta a permeabilidade intestinal (CHULUCK *et al.*, 2023; PEREIRA; PATERNO, 2025). Tal quadro de hiperpermeabilidade intestinal facilita a translocação de endotoxinas bacterianas e metabólitos pró-inflamatórios para a circulação sistêmica. Esse influxo desencadeia uma resposta imune exacerbada que culmina na inflamação da unidade pilosebácea (MANUAL MSD, 2024).

A constituição da microbiota intestinal pode sofrer alterações devido a diversos fatores, tais como o baixo consumo de fibras, a ingestão elevada de alimentos ultraprocessados, o consumo excessivo de álcool, o sedentarismo, o sono inadequado, o uso de medicamentos como antibióticos, a predisposição genética, a alimentação rica em açúcares e adoçantes artificiais, além de condições alérgicas, doenças inflamatórias intestinais e o câncer (SILVA, 2024). Esses fatores comprometem a capacidade da microbiota de manter o equilíbrio do organismo.

O constructo teórico do eixo intestino-pele é fundamentado na complexa interação entre a homeostase gastrointestinal e a integridade tegumentar. Propostas pioneiras de Stokes e Pillsbury têm sido corroboradas por evidências atuais que elucidam como o estresse oxidativo e a disbiose intestinal catalisam estados inflamatórios cutâneos, pois promovem a permeabilidade do intestino, desencadeando uma leve inflamação crônica na pele (PEREIRA; PATERNO, 2025).

Atualmente, é comprovada a comunicação mediada pelo sistema imunológico, na qual alterações microbianas no intestino causam permeabilidade intestinal, derivando substâncias que atingem a circulação sistêmica e a pele (MAHMUD *et al.*, 2022). Esse cenário aumenta a produção de citocinas inflamatórias e respostas às bactérias locais, como a *Cutibacterium acnes*. Por conseguinte, reforça a hipótese de que a disbiose intestinal influencia a fisiopatologia de doenças dermatológicas por meio de respostas imunes sistêmicas (RIVERA *et al.*, 2024).

Embora a *Cutibacterium acnes* seja comum tanto em indivíduos saudáveis quanto em pacientes com acne, diferenças nas cepas bacterianas e nos fatores de virulência podem estar associadas à gravidade da doença. Aliado a esse fator, alterações na diversidade microbiana cutânea, formação de biofilme bacteriano e ativação de vias inflamatórias como Toll-Like Receptor 2 (TLR2) e inflamassoma NOD-, LRR- and Pyrin Domain-Containing Protein 3 (NLRP3) contribuem para a manutenção do processo inflamatório (HUANG *et al.*, 2023). Esses achados reforçam a importância da homeostase microbiana para a saúde da pele e no desenvolvimento de tratamentos direcionados à modulação da microbiota.

De acordo com Sánchez-Pellicer *et al.* (2022), a alimentação tem relação com a composição e a diversidade da microbiota intestinal, que é fundamental no desenvolvimento da acne. Padrões alimentares da dieta ocidental, com elevado consumo de produtos ultraprocessados, laticínios e açúcares refinados,

estão associados ao aumento do risco e à piora dessa condição. Complementarmente, evidências científicas recentes indicam que o consumo de alimentos com alta carga glicêmica e laticínios estimula vias sistêmicas que contribuem diretamente para as lesões acneicas (DEL ROSSO *et al.*, 2024).

Adicionalmente, os ácidos graxos de cadeia curta (AGCCs) são moduladores cruciais da barreira intestinal e agentes anti-inflamatórios. A depleção desses compostos no estado disbiótico favorece um microambiente sistêmico pró-inflamatório, no qual pode ser mitigado por intervenções com nutracêuticos, como probióticos, zinco e ômega-3. Para tanto, os nutracêuticos restauram o equilíbrio por uma dieta adequada, o que modula o eixo intestino-pele, auxiliando na redução das lesões inflamatórias (FERREIRA; ANDRADE; MAYNARD, 2023).

Apesar de diversos estudos já explorarem a conexão das funções intestinais e da saúde da pele, observa-se a necessidade de consolidação científica e sínteses teóricas mais robustas. Nesse sentido, há imperativa necessidade de aprofundar a compreensão sobre os mecanismos biológicos envolvidos na disbiose intestinal e sua influência na acne. Esse conhecimento favorece o progresso tanto na dermatologia quanto na microbiologia clínica, e também fundamenta propostas de abordagens terapêuticas integrativas, menos invasivas, mais eficazes e personalizadas. Espera-se assim, promover uma melhor qualidade de vida, reconhecendo a saúde intestinal como fundamental no tratamento da dermatose.

Diante desse cenário, surge a questão norteadora: "Como o desequilíbrio da microbiota intestinal contribui para a inflamação sistêmica na acne vulgar e quais intervenções terapêuticas têm se mostrado eficazes na restauração do eixo intestino-pele?"

O presente estudo tem como objetivo sistematizar as evidências recentes dos mecanismos microbiológicos e sistêmicos pelos quais a microbiota intestinal influencia a etiopatogenia da acne vulgar com importante impacto social e psicológico. A análise foca na identificação dos fatores desencadeantes da disbiose, na caracterização das vias inflamatórias que culminam em manifestações cutâneas. Outrossim, busca-se elucidar intervenções terapêuticas direcionadas à restauração da simbiose intestinal para mitigar a gravidade e a recorrência da patologia. Espera-se, dessa forma, fornecer subsídios teóricos que fundamentam abordagens

integrativas na prática clínica dermatológica, visando a otimização dos resultados terapêuticos e da qualidade de vida dos pacientes.

METODOLOGIA

O presente estudo é uma revisão integrativa da literatura com abordagem qualitativa e descritiva, que visa compreender as influências da disbiose intestinal na patogênese da acne vulgar e abranger os conhecimentos do eixo intestino-pele facilitando orientações e futuras intervenções terapêuticas.

A revisão integrativa reúne, avalia criticamente e sintetiza variados tipos de estudos, permitindo amplo conhecimento sobre o tema e contribuindo com dados atualizados para decisões clínicas baseadas em estudos científicos. A metodologia de estudo aderiu às etapas propostas para revisões integrativas por Whitemore e Knafl (2005), englobando identificação do tema, definição de critérios, busca, avaliação crítica, categorização e síntese das descobertas.

O estudo foi conduzido com base na questão norteadora previamente estabelecida: "Como o desequilíbrio da microbiota intestinal contribui para a inflamação sistêmica na acne vulgar e quais intervenções terapêuticas têm se mostrado eficazes na restauração do eixo intestino-pele?" Essa questão orientou as etapas de revisão na delimitação dos termos de busca, definição dos critérios de enquadramento, síntese de resultados e até da seleção das bases de dados.

A pesquisa foi desenvolvida entre dezembro de 2025 e abril de 2026 utilizando as bases de dados SciELO, PubMed/MEDLINE, LILACS, ResearchGate e Biblioteca Virtual em Saúde (BVS). Foram aplicados descritores em português e inglês e cruzados por operadores booleanos (AND, OR), exemplificados por: "acne vulgar", "microbiota intestinal", "disbiose", "eixo intestino-pele" e "dietoterapia".

Foram incluídos no estudo artigos científicos originais, revisões sistemáticas, meta-análises, teses e dissertações acadêmicas sobre o tema microbiota intestinal e a patogênese, prevenção e tratamento da acne vulgar. Houve inclusão de publicações do período de 2016 a 2026, sem restrição de idioma e disponíveis na íntegra. As pesquisas incluídas abordam a etiopatogenia, prevenção, intervenções terapêuticas da acne vulgar associadas à microbiota intestinal, estudos com dados clínicos relevantes sobre a disbiose intestinal, descrição dos

mecanismos biológicos e alterações sistêmicas mediadas pelo eixo intestino-pele.

Foram excluídos resumos de congressos, editoriais, cartas ao editor, estudos de caso e trabalhos não publicados, bem como estudos duplicados localizados em mais de uma base de dados. Também foram excluídas as publicações com dados insuficientes, textos incompletos ou inacessíveis. Não foram considerados artigos com foco em modelos animais (*in vivo*) ou *in vitro* e estudos que abordassem a microbiota cutânea sem relacionar com a microbiota intestinal.

Para verificação dos artigos elaborou-se uma ficha padronizada para extração e análise de dados composto pelas variáveis: autor, ano de publicação, tipo de estudo, metodologia utilizada e principais resultados. A análise de dados foi qualitativa mediante síntese comparativa e descritiva, identificando padrões, tendências, discrepâncias, principais descobertas da relação entre a microbiota intestinal e a acne vulgar e informações sobre tratamentos. Além disso, utilizou-se um fluxograma PRISMA para demonstração do processo de seleção dos artigos.

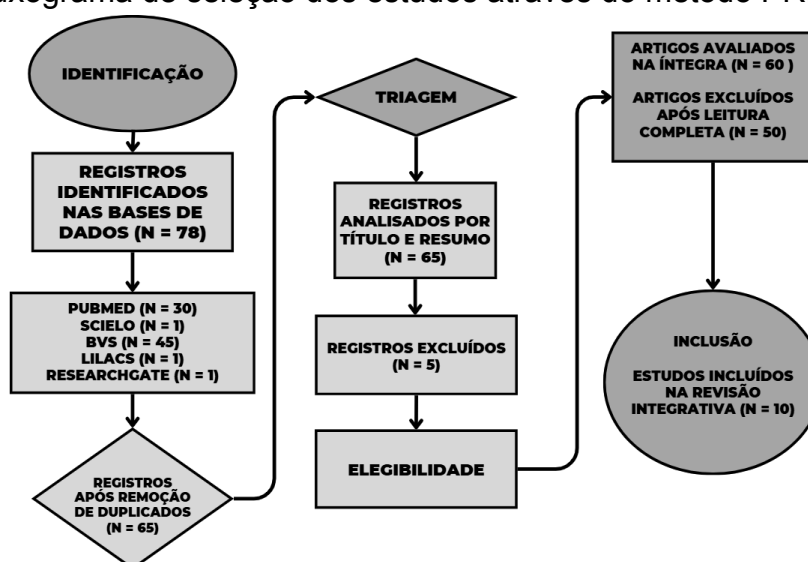
A avaliação para inclusão dos estudos selecionados considerou a adequação ao tema investigado, clareza dos objetivos, representatividade das amostras e consistência entre os resultados e conclusões. Os aspectos observados para seleção foram a definição da disbiose intestinal, o impacto psicossocial da acne vulgar, os mecanismos biológicos do eixo intestino-pele, a influência da dieta ocidental, o papel dos metabólitos bacterianos e estratégias terapêuticas relevantes. Diante disso, os achados foram organizados em eixos temáticos: mecanismos de translocação bacteriana e inflamação sistêmica, potencial terapêutico da modulação da microbiota, e a influência de fatores dietéticos e do estilo de vida na acne.

Nesse viés, identificaram-se os avanços científicos nos estudos, lacunas, limitações e desafios como a alta variabilidade individual da microbiota, a dificuldade em estabelecer causalidade da disbiose com a acne, a falta de padrão científico de cepas e de doses ideais de probióticos, a resistência dos pacientes a mudanças de estilo de vida e custos altos dos testes. O referido estudo é uma revisão integrativa sem coleta de dados primários e não houve participação de seres humanos ou animais, em vista disso, dispensa apreciação por Comitê de Ética em Pesquisa, conforme a Resolução no 510/2016 do Conselho Nacional de Saúde.

Os princípios éticos da integridade científica foram estabelecidos em todas as etapas da pesquisa, certificando o respeito aos direitos autorais e créditos a

todas as fontes. Para garantir transparência, confiabilidade e reprodutibilidade dos resultados a seleção e análise dos estudos foi seguida com rigor, a fim de fomentar o saber científico sobre as implicações da disbiose intestinal no desenvolvimento da acne vulgar e abordagens terapêuticas.

Figura 1 – Fluxograma de seleção dos estudos através do método PRISMA.



Fonte: Elaborado pelas autoras (2026).

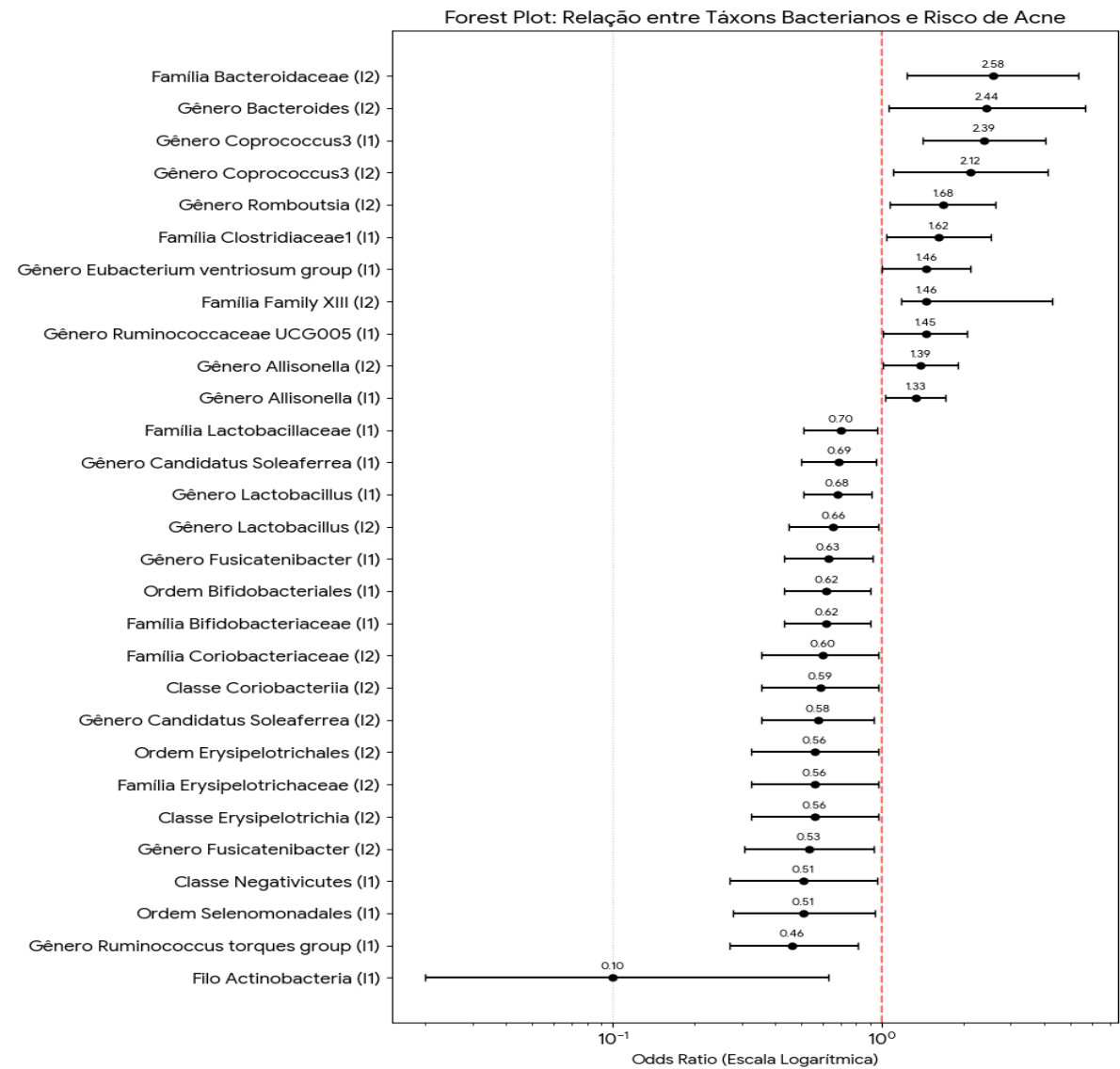
RESULTADOS

Os estudos foram avaliados na íntegra e após aplicação dos critérios de seleção, abrangendo diferentes metodologias como ensaios clínicos, estudos prospectivos, retrospectivos, qualitativos e meta-análises de publicações entre 2016 a 2026. Todos com o objetivo de avaliar a influência da microbiota intestinal na acne vulgar, evidenciando estratégias terapêuticas para estabilidade do eixo intestino-pele e respondendo à questão norteadora desta pesquisa. Por conseguinte, foram selecionados os 10 estudos mais relevantes e pertinentes a este trabalho.

A causalidade entre a microbiota intestinal e a acne foi consistente entre os trabalhos que adotaram a técnica de Randomização Mendeliana (RM) que analisa a variante genética que determina a abundância de uma bactéria intestinal que ocasiona o surgimento da acne para avaliar os impactos de grupos bacterianos na doença. Os dados são de consórcios genéticos de larga escala em populações de ascendência europeia (JI *et al.*, 2024; MAO; YU; LI, 2023; TANG *et al.*, 2024). Em

TANG *et al.* (2024) encontraram 14 táxons microbianos com influência causal na acne, 8 de fatores protetores e 6 de risco. O trabalho de Ji *et al.* (2024) mostra a influência da microbiota na acne pela modulação de interleucinas, como IL-18 e IL-1ra, sendo 3 grupos benéficos, como o *Clostridium sensu stricto 1*, e 3 maléficos, como o gênero *Acidaminococcus*. Mao, Yu e Li (2023) encontraram 2 grupos de risco e 2 de auxílio na proteção a acne, principalmente o gênero *Bacteroides* como risco e o grupo *Ruminococcaceae UCG013* como protetor. Nas análises certas cepas bacterianas atuaram diretamente na modulação da resposta inflamatória cutânea (Apêndice A).

Figura 2 – Forest Plot: Relação entre táxons bacterianos e risco de acne vulgar (Análise de Odds Ratio).



Nota: Parâmetros para interpretação estatística visual (IC 95%):

- **Linha Vermelha (1.0):** Linha de efeito nulo. Se o intervalo de confiança (barra horizontal) cruzar esta linha, o resultado não possui significância estatística.
- **Valores > 1.0 (À Direita):** Táxons associados a um Risco Aumentado de acne (toda a barra deve estar à direita de 1.0). Exemplo: *Família Bacteroidaceae* (2.58).
- **Valores < 1.0 (À Esquerda):** Táxons associados a um Fator Protetor contra a acne (toda a barra deve estar à esquerda de 1.0). Exemplo: *Filo Actinobacteria* (0.10).
- **Barras Horizontais:** Representam o Intervalo de Confiança (IC de 95%). Os pontos pretos indicam a estimativa média calculada.

Fonte: Elaborado pelas autoras (2026), baseado em Ji *et al.* (2024), Mao, Yu e Li (2023) e Tang *et al.* (2024).

Conforme a Figura 2, a Odds Ratio (OR) > 1 indica que a presença ou abundância da bactéria está associada ao aumento na probabilidade de acne. Por outro lado, a Odds Ratio (OR) < 1 é um efeito protetor. A presença da família *Bacteroidaceae* é um forte fator de risco com 158% ou OR 2,58 de predisposição à acne, mas no filo *Actinobacteria* com OR 0,10 o risco de desenvolver acne reduz em 90% (MAO; YU; LI, 2023; TANG *et al.*, 2024).

A compreensão da acne vulgar passou de somente uma patologia restrita à unidade pilossebácea para uma condição imuno-inflamatória sistêmica. Embora a literatura ainda se sustente na hiperqueratinização, excesso de sebo, proliferação de *C. acnes* e inflamação local, Del Rosso *et al.* (2024) demonstraram que fatores sistêmicos, como o estresse oxidativo e o microbioma intestinal, atuam como mediadores críticos. Esses mecanismos extracelulares interagem diretamente com a pele, intensificando a resposta inflamatória e a gravidade das lesões.

Conforme Bacchi, Silva e Cé (2024), a disbiose intestinal fragiliza a barreira epitelial do cólon, o que facilita a passagem de mediadores inflamatórios para a corrente sanguínea, impulsionando a patogênese da acne (Apêndice B). Paralelamente, a dieta ocidental, caracterizada por alimentos de alto índice glicêmico e laticínios, eleva os níveis de insulina e IGF-1 (Fator de Crescimento Semelhante à Insulina tipo 1), o que ativa o complexo mTORC1 (Complexo 1 do Alvo Mecanístico da Rapamicina), uma via de sinalização celular envolvida no crescimento celular, na síntese lipídica e na produção de sebo e resulta em um aumento da produção sebácea e na inflamação da pele.

As intervenções terapêuticas apresentadas nos trabalhos melhoraram o quadro clínico de pacientes com acne. A suplementação com Ômega 3 provocou o aumento da diversidade da microbiota intestinal ao reduzir o estado de inflamação (p

< 0,05), auxiliando gêneros produtores de butirato (HUANG *et al.*, 2024a). Outro estudo em ratos SD validou o efeito probiótico do *Lactobacillus rhamnosus* que promoveu aumento nos níveis de Ácido Indol-3-Acético (IAA) no soro e consequentemente a redução de citocinas inflamatórias na pele (HUANG *et al.*, 2024b).

A manifestação e a gravidade da acne apresentam correlações significativas com marcadores biológicos e fisiológicos mensuráveis. Sivamani, Maloh e Nong (2023) correlacionam a abundância de *Bacteroides* e os níveis de testosterona circulante, que ocasionam a acne. Ainda neste estudo o número total de lesões de acne foi positivamente ligado a espécies de *Clostridia* no intestino ($p < 0.05$). É também abordado que a perda de água transepidérmica (TEWL) está inversamente relacionada com a diversidade da microbiota intestinal.

A eficácia das intervenções terapêuticas baseadas no eixo intestino-pele possui dados consolidados. Na análise de Sánchez-Pellicer *et al.* (2022) a combinação de probióticos orais e antibióticos, como o *Lactobacillus* e a minociclina, potencializou a redução de lesões acneicas em comparação ao uso somente de antibióticos. Os dados revelaram que a combinação de ambos em 12 semanas promoveu redução dos níveis de lipopolissacarídeos (LPS), a redução do número de lesões de acne e melhora geral do quadro inflamatório, além de reduzir os efeitos colaterais intestinais provocados pelo uso contínuo do antibiótico. Para uma análise comparativa e detalhada, os estudos clínicos e experimentais selecionados que avaliaram o impacto da suplementação na acne vulgar foram compilados estruturadamente (Apêndice C).

Ao comparar os achados, é evidente a relação entre a disbiose intestinal e a patogênese da acne. Fica claro, que a acne não é meramente uma questão dermatológica mas sistêmica sustentada pelos estudos de Randomização Mendeliana. As pesquisas isolaram o efeito causal de táxons bacterianos específicos, alguns com fatores protetores e outros com quadro inflamatório. A disbiose intestinal promove a permeabilidade da barreira do intestino, permitindo que frações bacterianas e metabólitos atuem vias sistêmicas, mTOR (Alvo Mecanístico da Rapamicina) e NF-kB (Fator Nuclear Kappa B), contribuindo para desregulação do metabolismo do triptofano e exacerba a inflamação na unidade pilossebácea, evidenciando a comunicação bidirecional desse sistema (Apêndice D). Nesse

sentido, a modulação da microbiota através de probióticos e ácidos graxos mitiga os drivers sistêmicos da doença. Dessa forma, os resultados sugerem que a restauração da homeostase intestinal é um pilar indispensável para o controle sustentável da acne vulgar.

Quadro 3 – Síntese dos estudos selecionados para a revisão integrativa sobre a relação da microbiota intestinal e a acne vulgar.

Nº	Autor	Ano	Tipo de estudo (Metodologia)	Principais resultados
1	SIVAMANI ; MALOH; NONG	2023	Estudo clínico aberto	Destaca a influência do estresse, hormônios e bactérias específicas do intestino em diferentes tipos de acne.
2	MAO; YU; LI	2023	Estudo de randomização mendeliana	Identifica bactérias com relações causais com a acne, sendo 42 grupos protetores e 34 grupos de risco.
3	DEL ROSSO <i>et al.</i>	2024	Revisão de Literatura	Revela a acne como uma condição influenciada pelo desequilíbrio e sistêmico e inflamatório.
4	BACCHI; SILVA; CÉ	2024	Revisão de Literatura	Apresenta a forte interligação entre a microbiota intestinal, dieta e o desenvolvimento da acne.
5	Jl <i>et al.</i>	2024	Estudo de randomização mendeliana	Apresenta 12 grupos bacterianos associados à acne.
6	HUANG <i>et al.</i>	2024a	Revisão de Literatura	Comprova que o ômega-3 têm efeitos anti-inflamatórios, auxilia no equilíbrio da microbiota intestinal, reduz marcadores inflamatórios e melhora a resistência à insulina associada à acne
7	MAHMUD <i>et al.</i>	2022	Revisão de Literatura	Aponta que em disbiose intestinal os metabólitos bacterianos e mediadores inflamatórios viajam pela circulação e comprometem a pele, exacerbando a psoríase, a dermatite atópica e a acne.
8	TANG <i>et al.</i>	2024	Estudo de randomização mendeliana	Identifica 10 táxons bacterianos com efeito protetor e 4 táxons com efeito de risco na acne.

9	HUANG <i>et al.</i>	2024b	Estudo experimental controlado	Comprova que o <i>Lactobacillus rhamnosus</i> equilibra a microbiota intestinal, regula o metabolismo do triptofano e ativa receptores que diminuem a inflamação na pele e assim reduz a acne.
10	SÁNCHEZ-PELLICER <i>et al.</i>	2022	Revisão de Literatura	Associa a acne à disbiose intestinal e a perda da diversidade genômica da <i>C. acnes</i> , que são exacerbados por dietas ricas em açúcares e laticínios.

Fonte: Elaborado pelas autoras (2026).

DISCUSSÃO

Variados estudos apontam que a acne deixou de ser apenas uma doença da unidade pilosebácea para ser entendida como uma consequência sistêmica. As análises em Randomização Mendeliana apresentadas por Ji *et al.* (2024), Mao, Yu e Li (2023) e Tang *et al.* (2024) comprovam essa perspectiva ao identificar táxons microbianos, que em disbiose, comprometem a integridade da barreira intestinal, gerando consequente inflamação sistêmica.

Nesse sentido, o gênero *Lactobacillus* é um fator de proteção, pois inibe a via mTOR e reduz os níveis de IGF-1, fatores fundamentais na estimulação da lipogênese sebácea. Por outro lado, a família Bacteroidaceae e o gênero Bacteroides, juntamente com o gênero *Coprococcus_3*, são persistentes como fatores de risco para a severidade da acne, pois estão associados à produção de mediadores inflamatórios ou à redução de bactérias produtoras de butirato. Considerando o papel anti-inflamatório do butirato e sua contribuição para a manutenção da integridade da barreira intestinal, sua diminuição favorece o aumento da permeabilidade intestinal e da inflamação sistêmica, condições que podem intensificar a lipogênese sebácea e a resposta inflamatória cutânea, contribuindo para o desenvolvimento e agravamento da acne.

A barreira intestinal em homeostase é um conjunto de células firmemente unidas, todavia a dominância de bactérias de risco compromete a integridade. Nos estudos de Ji *et al.* (2024), Mao, Yu e Li (2023) e Tang *et al.* (2024) a queda de *Lactobacillus* e *Fusicatenibacter* reduz a produção de AGCCs, como o butirato, que são essenciais para a manutenção das junções estreitas intestinais.

Comunidades microbianas mantêm a integridade epitelial do intestino, convertendo polissacarídeos complexos não digeríveis em vitaminas (especificamente K e B12) e AGCCs (especificamente butirato). Por exemplo, o butirato diminui a permeabilidade da barreira intestinal e melhora a integridade da pele (MAHMUD *et al.*, 2022). Esse mecanismo fisiopatológico, que culmina no desenvolvimento e agravamento da acne pelo desequilíbrio intestinal, está esquematizado no Apêndice E.

Além disso, algumas bactérias redutoras de sulfato (BRS) convertem sulfatos em sulfeto de hidrogênio, o que interfere na oxidação do butirato e aumenta a permeabilidade (MAO; YU; LI, 2023). Em termos do desenvolvimento da doença, o desequilíbrio intestinal prejudica a integridade da barreira que reveste o intestino, aumentando a sua permeabilidade, assim substâncias tóxicas entram na corrente sanguínea e ativam vias inflamatórias, como o NF- κ B e o mTORC1 (BACCHI; SILVA; CÉ, 2024). A relevância da inflamação sistêmica nesse cenário é corroborada pela detecção de endotoxinas bacterianas em indivíduos com acne grave, sugerindo que tais mediadores alcançam a pele, rompem a homeostase cutânea e agravam as lesões acneicas (SÁNCHEZ-PELLICER *et al.*, 2022).

Esse aumento da permeabilidade permite a translocação de LPS e outros metabólitos para a corrente sanguínea, onde são reconhecidos como invasores, ativando receptores como os Toll-like receptors (TLR). Essa resposta desencadeia uma inflamação sistêmica pelo eixo intestino-pele. Na unidade pilossebácea, esse processo estimula a liberação de citocinas pró-inflamatórias, como a interleucina 6 (IL-6) e a interleucina 8 (IL-8), que exacerbam as lesões de acne. Conforme Del Rosso *et al.* (2024), a comunicação entre o intestino e a pele é mediada por substâncias inflamatórias, o que reforça a premissa de que a homeostase intestinal influencia diretamente a saúde cutânea.

É relevante notar que a mTOR é uma proteína que ao ser ativada sinaliza para as glândulas sebáceas produzirem mais lipídios e para as células da pele se multiplicarem mais rápido, ou seja, a hiperqueratinização. Segundo Tang *et al.* (2024), o desequilíbrio sistêmico pode levar a um estado de resistência à insulina e aumento do IGF-1, que em conjunto com a insulina são os principais ativadores da via mTORC1 na pele.

O estudo de Ji *et al.* (2024) menciona que o *Lactobacillus acidophilus* e os AGCCs possuem a capacidade de inibir a via mTOR enquanto ativam a via

AMPK (Proteína Quinase Ativada por AMP), reduzindo a produção excessiva de lipídios cutâneos. Conforme os achados de Mao, Yu e Li (2023) e Tang *et al.* (2024), a disbiose intestinal prejudica a expressão de genes cutâneos que sinalizam a insulina. Nesse contexto, a suplementação com estirpes específicas, como as do gênero *Lactobacillus*, normaliza a expressão desses genes na pele e reduz os níveis de IGF-1, mitigando a lipogênese sebácea. Tais mecanismos explicam as melhorias clínicas significativas na acne ao ajustar a dieta para reduzir picos de insulina e restaurar a flora intestinal.

Dando continuidade à análise, diversos resultados mostraram os efeitos positivos de probióticos na patogênese da acne. Huang *et al.* (2024b) observaram que a administração de *Lactobacillus rhamnosus* em modelos animais induziu a produção de metabólitos do triptofano, como o ácido indol-3-acético (IAA) e o indol. Estes metabólitos ativam o Receptor de Hidrocarboneto Arílico (AhR), que suprime citocinas inflamatórias como IL-1, IL-6 e TNF- α na pele. Por conseguinte, houve aumento na diversidade bacteriana e uma redução significativa da vermelhidão, do edema e da infiltração de células inflamatórias nas lesões de acne.

Segundo Sivamani, Maloh e Nong (2023), existem espécies bacterianas cuja abundância aumenta proporcionalmente ao número de lesões. Os autores apresentaram a forte correlação positiva entre o gênero *Clostridium* e a espécie *Methanobrevibacter smithii* e as lesões inflamatórias e as não inflamatórias correlacionaram com *Actinomyces naeslundii* e *Intestinibacter bartlettii*. Em oposição a isso, a *Adlercreutzia equolifaciens* obteve a maior correlação inversa com a presença de cravos, sugerindo um potencial papel protetor no lúmen intestinal. Tal proteção advém da capacidade desta bactéria em modular hormônios pela produção de equol, uma isoflavona que auxilia na redução das lesões acneicas. A síntese dessas correlações microbianas e seus respectivos papéis fisiopatológicos estão estruturados no Apêndice F.

Ademais, conforme Sivamani, Maloh e Nong (2023) a microbiota intestinal não atua de forma isolada e interage com fatores sistêmicos, como os níveis de testosterona e estradiol que influenciam a síntese sebácea e a hidratação cutânea. O estudo também estabelece uma correlação entre o estresse psicológico, via cortisol, e alterações na barreira epidérmica, sugerindo que esse ambiente alterado favorece a proliferação de táxons patogênicos no intestino.

Consequentemente, desequilíbrio hormonal pode reduzir a abundância de gêneros protetores, como *Lactobacillus* e *Bifidobacterium*. Desse modo, a pele com barreira íntegra e níveis adequados de hidratação é menos suscetível a processos inflamatórios exacerbados pela disbiose intestinal.

Outrossim, quando o organismo é submetido a estresse ou desequilíbrio hormonal, a diversidade da microbiota intestinal declina, o que reduz *Firmicutes* e aumenta *Bacteroidetes*, um marcador comum em pacientes com acne (HUANG *et al.*, 2024b). O estresse e as flutuações hormonais modificam o ambiente físico (produção de sebo e níveis de hidratação) e químico (concentração de citocinas e cortisol) do corpo. Essas alterações determinam os táxons bacterianos que irão prosperar no lúmen intestinal, estabelecendo um ciclo vicioso de inflamação sistêmica com impacto direto na pele (SIVAMANI; MALOH; NONG, 2023).

Tradicionalmente, o tratamento para acne é o uso prolongado de antibióticos tópicos e sistêmicos, que em excesso culmina no surgimento de grupos bacterianos altamente resistentes, como o *Cutibacterium acnes*. A redução da eficácia antibiótica tem compelido a adoção de terapias mais complexas, como a isotretinoína oral, com perfil de efeitos adversos significativamente mais severos. É necessário destacar que os antibióticos promovem a eliminação indiscriminada tanto de patógenos quanto de microrganismos comensais benéficos, resultando em desequilíbrio profundo nas microbiotas cutânea e intestinal (MAHMUD *et al.*, 2022).

Os trabalhos Sánchez-Pellicer *et al.* (2022) e Mahmud *et al.* (2022) enfatizam que uma estratégia promissora restaura o equilíbrio do ecossistema por meio do eixo intestino-pele, em detrimento do uso isolado e prolongado de antibióticos. De acordo com Sánchez-Pellicer *et al.* (2022), os probióticos inibem diretamente o *C. acnes* e regulam a sinalização da insulina e do IGF-1. Essa modulação favorece a sensibilidade à insulina e reduz os níveis de IGF-1, diminuindo a ativação da via mTOR e, consequentemente, a lipogênese sebácea e a resposta inflamatória cutânea. Dessa forma, tais intervenções atuam nos pilares etiopatogênicos da acne de maneira sistêmica, e não apenas sintomática.

No estudo de Sánchez-Pellicer *et al.* (2022) é verificado que certas estirpes de *Lactobacillus* e *Bifidobacterium* produzem bacteriocinas e ácidos orgânicos que inibem o crescimento de microrganismos patogênicos sem induzir resistência bacteriana. Tais achados sustentam que, o predomínio de

microrganismos comensais sobre os patogênicos permite o equilíbrio da microbiota intestinal por meio do antagonismo microbiano, o que preserva a barreira entérica. Em decorrência disso, a intervenção com probióticos auxilia na promoção de um ambiente estável, favorecendo a manutenção natural da homeostase intestinal.

Em contrapartida ao uso de antibióticos, os probióticos promovem um ambiente estável e resiliente, uma vez que tratam o indivíduo como um ecossistema, favorecendo a saúde intestinal e imunológica simultaneamente à integridade cutânea. Dessa maneira, Sánchez-Pellicer *et al.* (2022) e Mahmud *et al.* (2022) visam contornar a resistência bacteriana e oferecer uma alternativa mais sustentável, assertiva e menos agressiva ao organismo.

Consoante a Huang *et al.* (2024a), os ácidos graxos como o ômega-3 têm eficácia na acne ao modular a microbiota intestinal, exercendo um papel análogo ao de um "prebiótico". Clinicamente, esses ácidos elevaram a diversidade microbiana, um marcador de saúde intestinal relevante, visto que pacientes com acne apresentam redução nessa diversidade. Os dados apontam a expansão das famílias *Lachnospiraceae* e *Ruminococcaceae*, produtoras de ácido butírico (AGCC). Paralelamente, o ômega-3 contribuiu na redução de táxons associados à inflamação e disbiose, como o gênero *Bacteroides* e certas proteobactérias.

Certos grupos de bactérias são produtores de butirato, um metabólito que serve como fonte de energia primordial para os colonócitos. Essa ação preserva a integridade da barreira intestinal e evita a translocação de endotoxinas, a exemplo dos lipopolissacarídeos, para a corrente sanguínea. Nesse cenário, o butirato e outros metabólitos induzidos pela suplementação com ômega-3 atenuam a sinalização pró-inflamatória que atinge a unidade pilossebácea na pele (HUANG *et al.*, 2024a).

A suplementação com ômega-3 altera benéficamente a microbiota intestinal e proporciona resultados clínicos diretos. Conforme Huang *et al.* (2024a) houve redução significativa na pontuação global de gravidade da acne (Global Acne Grading System), diminuição dos níveis de triglicerídeos e colesterol total, além do aumento do HDL. Tais resultados são fundamentais, visto que o excesso de lipídios circulantes exacerba a produção sebácea e a inflamação cutânea. Complementarmente, o ômega-3 atua como um excelente adjuvante, potencializando os efeitos antiinflamatórios dos tratamentos convencionais e

mitigando possíveis efeitos adversos metabólicos da antibioticoterapia. Desse modo, favorece a redução das lesões acneicas e a resiliência da barreira intestinal.

A compreensão aprofundada das interações entre os grupos específicos da microbiota e a acne é essencial para desenvolver estratégias terapêuticas mais eficazes e direcionadas. O objetivo reside em restabelecer o equilíbrio microbiológico e promover a saúde da pele (BACCHI; SILVA; CÉ, 2024). Futuramente, é possível visualizar a possibilidade do tratamento personalizado para a acne baseado na análise do microbioma intestinal pelo sequenciamento de DNA fecal. Haja vista que, os estudos por Randomização Mendeliana (MR), Ji *et al.* (2024), Mao, Yu e Li (2023) e Tang *et al.* (2024), demonstram que táxons específicos causam suscetibilidade à acne e a metagenômica identifica os desequilíbrios microbianos individuais de cada paciente, viabilizando intervenções clínicas de precisão.

Atualmente, o uso de probióticos ocorre de forma genérica, entretanto, pesquisas indicam que diferentes cepas possuem mecanismos de ação distintos. Os prebióticos e probióticos atuam na restauração e fortalecimento da microbiota intestinal. Os prebióticos consistem em carboidratos não digeríveis que estimulam o crescimento de bactérias benéficas no intestino. Já os probióticos têm efeitos tanto no intestino quanto na pele, com variações conforme o estado nutricional e as condições clínicas do indivíduo. Além disso, esses microrganismos desempenham papel fundamental no equilíbrio da microbiota intestinal e contribuem para a regulação da saúde do organismo (MAHMUD *et al.*, 2022). Algumas cepas podem reduzir os níveis de IGF-1, enquanto outras restauram as "tight junctions" do epitélio intestinal, impedindo a translocação de toxinas. Certas variações de *Lactobacillus rhamnosus* aumentam a produção de metabólitos do triptofano, como o ácido indol-3-acético, que apresenta efeitos anti-inflamatórios comprovados na pele.

A terapêutica futura para a acne não focará em bactérias isoladas, mas na interação destes microrganismos com os hormônios circulantes. Posto que, existe uma relação entre a abundância de certas bactérias intestinais e os níveis de hormônios andrógenos e cortisol. Assim, o sequenciamento genético permite que o clínico ajuste a dieta e os suplementos, como ômega-3 ou fibras específicas, para otimizar o ambiente intestinal e, conseqüentemente, a integridade cutânea.

Embora a relação entre a microbiota intestinal e a acne apresente

evidências crescentes e a modulação desse ecossistema seja uma estratégia promissora, a aplicação clínica enfrenta limitações metodológicas. A análise por sequenciamento de nova geração (NGS) em amostras fecais possui custo elevado na rotina diagnóstica em larga escala. Somado a isso, o microbioma é dinâmico e influenciado por sono, estresse, alimentação e flutuações hormonais gerando uma acentuada variabilidade interindividual. Tais variáveis exigem estudos mais robustos, controlados e com protocolos rigorosos de coleta e interpretação (MAO; YU; LI, 2023; SIVAMANI; MALOH; NONG, 2023).

Uma parcela significativa da compreensão atual provém de modelos murinos, como o estudo Huang *et al.* (2024b) com ratos SD sobre o *Lactobacillus rhamnosus*, contudo, a pele e o sistema imune humano apresentam complexidades que os roedores não explicam totalmente, isso limita a generalização dos resultados. Outrossim, estudos observacionais com amostras reduzidas e curto período de acompanhamento dificultam a aplicabilidade dos resultados e a comprovação de causalidade. Já as pesquisas por MR como Ji *et al.* (2024), Mao, Yu e Li (2023) e Tang *et al.* (2024), indicam os fatores causais da acne, mas não determinam a posologia e o impacto real de intervenções externas, como a suplementação, para reverter o estado clínico. Esses estudos adotam dados indiretos de análises genéticas, fato que restringe aplicar os achados na prática clínica.

É preciso destacar que existe uma lacuna crítica de ensaios clínicos robustos, randomizados e controlados por placebo em humanos, devido a ausência de protocolos padronizados. Essa carência dificulta a definição de unidade formadora de colônias (UFC) ideal para obter resultados dermatológicos, bem como o período de intervenção para mudança nas microbiotas cutânea e intestinal e se o benefício visto é um efeito de classe ou restrito a cepas específicas. Portanto, a pesquisa deve evoluir de evidências genéticas e modelos animais para estudos clínicos de larga escala que validem a eficácia e a segurança em diversas populações humanas. Este progresso permitirá que a análise do microbioma e a prescrição de probióticos alcancem o status de padrão-ouro no tratamento da acne.

Sob esse prisma, os achados debatidos salientam que a pele não deve ser entendida como órgão isolado, mas como um reflexo da homeostase interna do organismo. Os estudos consolidam que acne vulgar é o sinal da ruptura dessa harmonia, resultante de desequilíbrios bioquímicos e microbiológicos que

ocorrem além da superfície dérmica. O eixo intestino-pele revela que a saúde do ecossistema gastrointestinal assegura a integridade da barreira cutânea e a regulação da inflamação local. Nesse contexto, é imperativo que a prática clínica incorpore a avaliação da saúde gastrointestinal, considerando a dieta, o uso de probióticos e a modulação da microbiota como pilares indispensáveis do tratamento. Essa abordagem deve transcender a prescrição de agentes tópicos e antibióticos convencionais. O futuro do tratamento da acne não deve ser apenas uma abordagem alternativa, mas uma necessidade científica para atingir resultados terapêuticos sustentáveis e garantir a saúde integral do paciente com acne.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

O presente estudo permitiu analisar a influência da disbiose intestinal na fisiopatologia da acne vulgar e identificar as principais abordagens terapêuticas relacionadas ao eixo intestino-pele. Os resultados apontam que a disbiose intestinal está associada ao aumento da permeabilidade intestinal, à inflamação sistêmica e ao agravamento das lesões acneicas.

Os estudos demonstraram que a modulação da microbiota intestinal por meio de dieta, uso de probióticos e suplementação com ômega-3 apresenta resultados promissores na redução dos processos inflamatórios relacionados à acne. Entretanto, ainda não existem protocolos padronizados de tratamento, dosagem e tempo de utilização dessas estratégias.

Apesar do avanço robusto na compreensão do eixo intestino-pele, ainda há lacunas que impedem que a abordagem integrativa seja padrão ouro. Nesse sentido, constata-se a ausência de protocolos padronizados de dosagem de Unidades Formadoras de Colônia (UFC), de estudos que determinem as linhagens mais potentes na modulação desse eixo e ensaios clínicos de longo prazo em humanos.

O futuro reside no tratamento de precisão, pelo mapeamento genético da microbiota, permitindo a identificação de déficits e prescrição personalizada de probióticos e prebióticos. Ademais, a integração de testes genéticos e de perfil da microbiota determinará quais alimentos ativam a inflamação sistêmica em cada paciente. Essa personalização permitirá dietas de exclusão significativamente

menos restritivas e mais eficazes.

Diante das evidências, conclui-se que o eixo intestino-pele desempenha papel relevante na acne vulgar e que a modulação da microbiota intestinal pode atuar como estratégia essencial no tratamento da patogênese. Contudo, são necessários mais estudos clínicos de longo prazo para confirmar sua eficácia e estabelecer recomendações terapêuticas padronizadas. O mapeamento genético da microbiota e a personalização da dieta são o caminho para um manejo clínico eficaz, transformando a saúde gastrointestinal no pilar central para o controle definitivo da acne e o bem-estar sistêmico, proporcionando uma saúde que se manifesta, genuinamente, de dentro para fora.

REFERÊNCIAS

SÁNCHEZ-PELLICER, P. *et al.* Acne, Microbiome, and Probiotics: The Gut–Skin Axis. **Microorganisms**, [s. l.], v. 10, n. 7, p. 1-18, 2022.

TANG, Y. *et al.* A study revealed the impact of gut microbiota on acne vulgaris: Evidence based on Mendelian randomization. **Medicine**, [s. l.], v. 103, n. 2, p. 1-8, 2024.

MAHMUD, M. R. *et al.* Impact of gut microbiome on skin health: gut-skin axis observed through the lenses of therapeutics and skin diseases. **Gut Microbes**, [s. l.], v. 14, n. 1, p. 1-29, 2022.

FERREIRA, L. J. S.; ANDRADE, N. M.; MAYNARD, D. C. Relação da disbiose e acne vulgaris: Tratamento com nutracêuticos e influências sobre a dieta em jovens adultos. **Research, Society and Development**, Brasília, v. 12, n. 6, e19612642224, p. 1-19, 2023.

PEREIRA, É. L. S.; PATERNO, J. C. A relação eixo intestino-pele e a acne vulgar: uma revisão de literatura. In: ENCONTRO LATINO AMERICANO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA, 29., 2025, São José dos Campos. **Anais [...]**. São José dos Campos: Universidade do Vale do Paraíba, 2025. p. 1-5.

CHULUCK, J. B. G. *et al.* A influência da microbiota intestinal na saúde humana: uma revisão de literatura. **Brazilian Journal of Health Review**, São José dos Campos, v. 6, n. 4, p. 16308-16323, 2023.

MANUAL MSD. **Acne vulgar**: fisiopatologia: versão para profissionais de saúde. Rahway, NJ: Merck & Co., Inc., 2024. Disponível em: <https://www.msdmanuals.com/pt-br/profissional>. Acesso em: 10 mar. 2026.

SILVA, J. E. B. **Microbiota intestinal e sua relação com a pele acneica**: uma

revisão de literatura. 2024. 14 f. Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação em Biomedicina) – Centro Universitário Leão Sampaio, Juazeiro do Norte, 2024.

RIVERA, Z. *et al.* Associação de doenças de pele e microrganismos presentes no trato intestinal ligados à disbiose. **VIVE. Revista de Investigación en Salud**, Caracas, v. 7, n. 20, p. 438-450, 2024.

HUANG, C. *et al.* The updates and implications of cutaneous microbiota in acne. **Cell & Bioscience**, [s. l.], v. 13, n. 1, p. 1-15, 2023.

DEL ROSSO, J. *et al.* New Insights Into Systemic Drivers of Inflammation and Their Contributions to the Pathophysiology of Acne. **Journal of Drugs in Dermatology**, New York, v. 23, n. 2, p. 90-95, 2024.

WHITTEMORE, R.; KNAFL, K. The integrative review: updated methodology. **Journal of Advanced Nursing**, v. 52, n. 5, p. 546-553, 2005.

Jl, X. *et al.* Revealing the Impact of Gut Microbiota on Acne Through Mendelian Randomization Analysis. **Clinical, Cosmetic and Investigational Dermatology**, [s. l.], v. 17, p. 253-264, 2024.

MAO, R.; YU, Q.; LI, J. The causal relationship between gut microbiota and inflammatory dermatoses: a Mendelian randomization study. **Frontiers in Immunology**, [s. l.], v. 14, p. 1-13, 2023.

BACCHI, P. A.; SILVA, N.; CÉ, R. Intestinal dysbiosis and acne: investigating the interconnection between the intestinal microbiome and skin health. **Revista Multidisciplinar em Saúde**, [s. l.], v. 5, n. 2, p. 1-11, 2024.

HUANG, Y. *et al.* The adjuvant treatment role of ω -3 fatty acids by regulating gut microbiota positively in the acne vulgaris. **Journal of Dermatological Treatment**, [s. l.], v. 35, n. 1, p. 1-13, 2024a.

HUANG, Y. *et al.* Lactobacillus rhamnosus ameliorates acne vulgaris in SD rats via changes in gut microbiota and associated tryptophan metabolism. **Frontiers in Immunology**, [s. l.], v. 14, p. 1-14, 2024b.

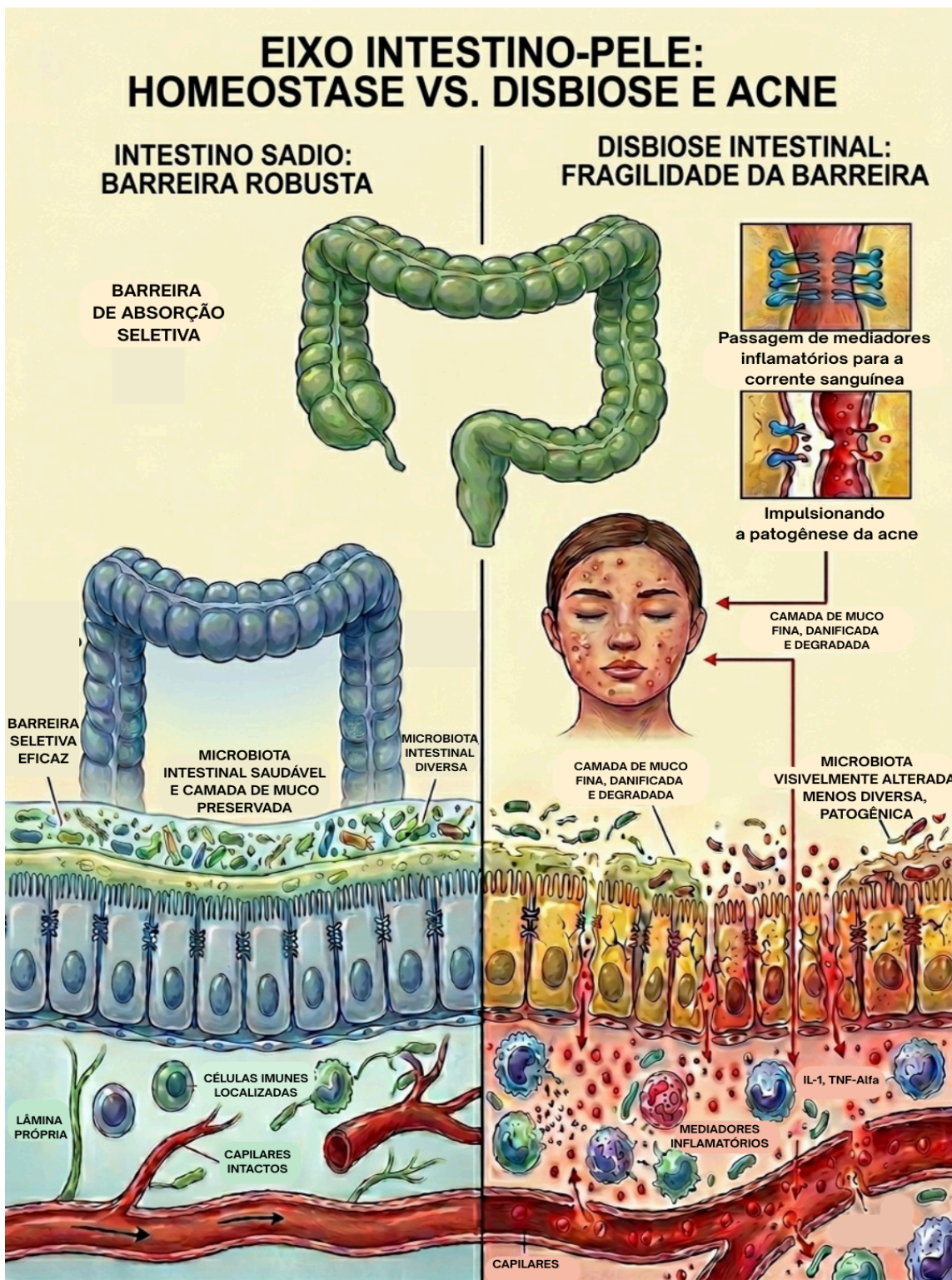
SIVAMANI, R. K.; MALOH, J.; NONG, Y. Correlating the Gut Microbiota and Circulating Hormones with Acne Lesion Counts and Skin Biophysical Features. **Microorganisms**, [s. l.], v. 11, n. 8, p. 1-11, 2023.

**APÊNDICE A – CLASSIFICAÇÃO DE MICRORGANISMOS INTESTINAIS
CONFORME O IMPACTO NA ACNE VULGAR**

Classificação de microrganismos intestinais de risco ou proteção da acne		
Tipo de efeito	Microorganismos	Impacto na acne vulgar
Fator de risco	Bacteroidaceae	Aumenta a inflamação e risco de acne
Fator de risco	Clostridiaceae	Associada a processos inflamatórios
Fator de risco	Allisonella	Associada ao metabolismo da histamina
Fator de risco	Bacteroides	Ligada a distúrbios metabólicos
Fator de risco	Butyricimonas	Associação ainda não totalmente elucidada
Fator de risco	Clostridium sensu stricto 1	Potencial efeito pró-inflamatório
Fator de risco	Coprococcus3	Maior impacto no aumento do risco de acne
Fator de Proteção	Lactobacillaceae	Regulação metabólica e efeito anti-inflamatório
Fator de Proteção	Ruminococcus torques group	Redução do risco de acne
Fator de Proteção	Candidatus Soleaferrea	Efeito protetor à acne
Fator de Proteção	Fusicatenibacter	Reduz inflamação sistêmica
Fator de Proteção	Lactobacillus	Efeito benéfico no eixo intestino-pele

Fonte: Elaborado pelas autoras (2026), baseado em Ji et al. (2024), Mao, Yu e Li (2023), Tang et al. (2024)

APÊNDICE B – ESQUEMA ILUSTRATIVO DO EIXO INTESTINO-PELE EM ESTADOS DE HOMEOSTASE E DISBIOSE ASSOCIADA À PATOGÊNESE DA ACNE



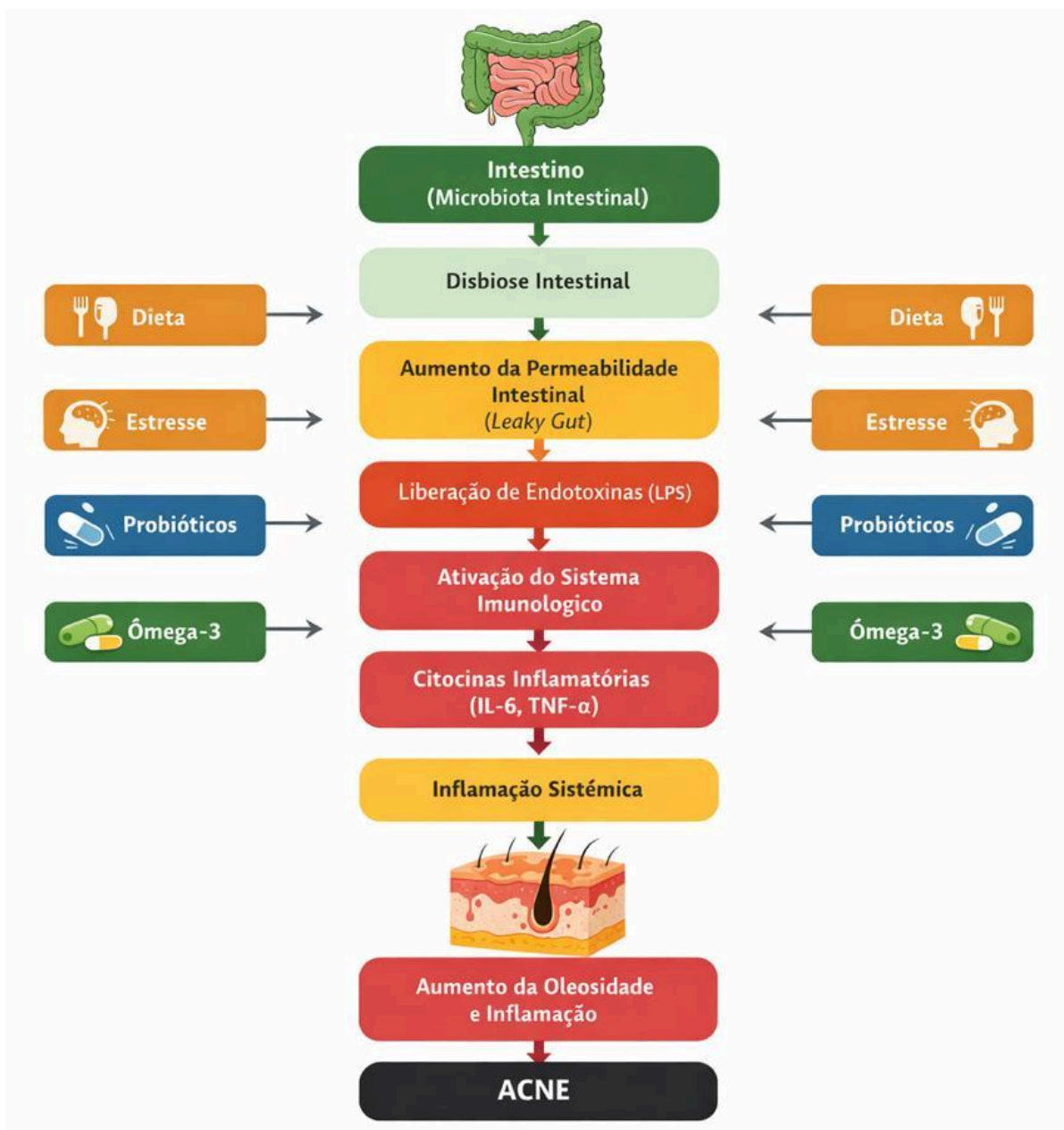
Fonte: Elaborado pelas autoras (2026) baseado em Bacchi, Silva e Cé (2024).

APÊNDICE C – SÍNTESE DE ESTUDOS SOBRE OS EFEITOS DA SUPLEMENTAÇÃO NA REDUÇÃO DE LESÕES ACNEICAS

Efeitos dos suplementos na redução de lesões de acne.				
Suplemento	Autor/Ano	Objetivo	Resultados	Conclusão
Ômega-3	HUANG <i>et al.</i> , 2024a	Investigar impacto dos ácidos graxos na gravidade da acne	Diminuição da produção de citocinas inflamatórias	Suplementação auxilia na redução da inflamação sistêmica
Probióticos	SÁNCHEZ-P ELLICER <i>et al.</i> , 2022	Avaliar o efeito de probióticos na microbiota intestinal e acne	Melhora da microbiota intestinal e redução das lesões acneicas	Probióticos atuam no eixo intestino-pele
Probióticos	HUANG. <i>et al.</i> , 2024b	Investigar a intervenção com probióticos para a acne	Redução da inflamação e melhora clínica	Probióticos são eficazes como terapia adjuvante
Probióticos + Ômega-3	SIVAMANI; MALOH; NONG, 2023	Avaliar o efeito combinado de Probióticos e Ômega-3 na acne	Redução significativa das lesões acneicas	Associação potencializa os efeitos terapêuticos
Antibiótico isolado (Terapia controle)	SÁNCHEZ-P ELLICER <i>et al.</i> , 2022	Avaliar o efeito do tratamento convencional com antibiótico isolado (minociclina) na acne vulgar.	Redução basal de lesões acneicas, acompanhada de potenciais efeitos colaterais gastrointestinais.	O uso contínuo isolado reduz lesões, mas compromete a integridade da microbiota intestinal.
Probióticos + Antibiótico (Terapia combinada)	SÁNCHEZ-P ELLICER <i>et al.</i> , 2022	Avaliar o efeito combinado de probióticos orais (<i>Lactobacillus</i>) e antibióticos (minociclina) na microbiota e na acne.	Redução nos níveis de LPS, otimização na redução de lesões e atenuação dos efeitos colaterais intestinais.	A combinação potencializa a eficácia clínica da redução de lesões e protege a barreira intestinal.

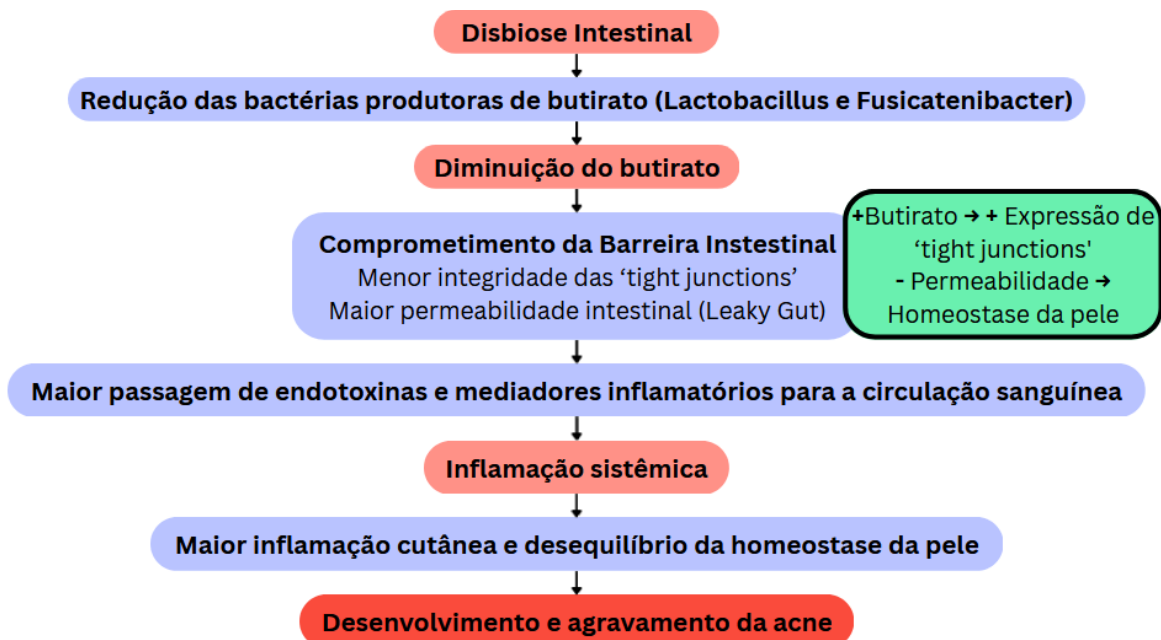
Fonte: Elaborado pelas autoras (2026) baseado em HUANG *et al.* (2024a), SÁNCHEZ-PELLICER *et al.* (2022), HUANG. *et al.* (2024b) e SIVAMANI; MALOH; NONG (2023)

APÊNDICE D – ESQUEMA DOS MECANISMOS FISIOPATOLÓGICOS DO EIXO INTESTINO-PELE NA ACNE



Fonte: Elaborado pelas autoras (2026).

APÊNDICE E – MECANISMO FISIOPATOLÓGICO DO BUTIRATO NO EIXO INTESTINO-PELE E NO DESENVOLVIMENTO DA ACNE



Fonte: Elaborado pelas autoras (2026), baseado em Ji et al. (2024), Mao, Yu e Li (2023), Tang et al. (2024) e Mahmud et al. (2022).

APÊNDICE F – CORRELAÇÃO ENTRE A ABUNDÂNCIA DE TÁXONS BACTERIANOS INTESTINAIS E TIPOS DE LESÕES ACNEICAS

Táxons bacterianos	Tipo de Lesão Associada	Papel Fisiopatológico Proposto
<i>Clostridium</i>	Lesões inflamatórias	Associação com o agravamento do processo inflamatório da acne.
<i>Methanobrevibacter smithii</i>	Lesões inflamatórias	Correlação positiva com o aumento de processos inflamatórias na acne.
<i>Actinomyces naeslundii</i>	Lesões não inflamatórias	Associação com o aumento e desenvolvimento de lesões não inflamatórias.
<i>Intestinibacter bartlettii</i>	Lesões não inflamatórias	Correlação positiva com o aumento na contagem de comedões (cravos).
<i>Adlercreutzia equolifaciens</i>	Lesões não inflamatórias	Potencial efeito protetor via produção de equol, modulando hormônios e reduzindo lesões acneicas.

Fonte: Elaborado pelas autoras (2026), baseado em Sivamani, Maloh e Nong (2023).