




## **O Microbioma Nasossinusal e seu Papel na Patogênese e Progressão da Rinossinusite Crônica**

*The Sinonasal Microbiome and Its Role in the Pathogenesis and Progression of Chronic Rhinosinusitis*

*El Microbioma Sinonasal y su Papel en la Patogénesis y Progresión de la Rinosisinitis Crónica*

 <https://doi.org/10.5281/zenodo.20465415>

**Monique Marquesete**

*Graduanda em Medicina*

*Universidade Anhanguera-UNIDERP, Campo Grande, Brasil*

*e-mail: [moniquemarquesete@gmail.com](mailto:moniquemarquesete@gmail.com)*

- **Tipo de Estudo:** Revisão integrativa da Literatura
- **Recebido:** 09/05/2026
- **Aceito:** 17/05/2026
- **Publicado:** 30/05/2026



This work is licensed under a [Creative Commons Attribution 4.0 International License](https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/), and a [LOCKSS](https://www.lockss.org/) system.

### **RESUMO**

A rinossinusite crônica é uma doença inflamatória multifatorial das cavidades nasais e seios paranasais que afeta significativamente a qualidade de vida dos pacientes e representa importante problema de saúde pública. Nos últimos anos, avanços nas técnicas de sequenciamento molecular permitiram melhor compreensão do microbioma nasossinusal e sua possível participação na fisiopatologia da doença. O presente estudo teve como objetivo analisar as evidências científicas disponíveis sobre a influência do microbioma nasossinusal no desenvolvimento, progressão e manejo da rinossinusite crônica. Trata-se de uma revisão sistemática da literatura conduzida conforme as recomendações do Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analyses (PRISMA). Foram realizadas buscas em bases de dados científicas nacionais e internacionais, sendo identificados 47 estudos potencialmente relevantes. Após aplicação dos critérios de elegibilidade, 11 artigos foram incluídos na análise final. Os estudos demonstraram que pacientes com rinossinusite crônica frequentemente



apresentam redução da diversidade bacteriana, alterações na composição da microbiota local e desequilíbrio entre microrganismos potencialmente protetores e espécies associadas à inflamação persistente. Observou-se ainda associação entre determinados perfis microbiológicos e desfechos clínicos, incluindo recorrência da doença e resposta ao tratamento. Evidências recentes também sugerem a participação do eixo intestino-seio paranasal como mecanismo complementar na fisiopatologia da rinosinusite crônica. Conclui-se que a disbiose do microbioma nasossinusal desempenha papel importante na manutenção da inflamação crônica e pode representar um potencial alvo para futuras estratégias diagnósticas e terapêuticas. Entretanto, a heterogeneidade metodológica dos estudos evidencia a necessidade de pesquisas adicionais para melhor compreensão das interações entre microbioma e hospedeiro.

**Palavras-chave:** Microbioma Nasossinusal; Rinosinusite Crônica; Disbiose; Microbiota; Inflamação Crônica.

#### **ABSTRACT**

*Chronic rhinosinusitis is a multifactorial inflammatory disease of the nasal cavity and paranasal sinuses that significantly impacts patients' quality of life and represents an important public health concern. In recent years, advances in molecular sequencing techniques have improved the understanding of the sinonasal microbiome and its potential role in the pathophysiology of the disease. This study aimed to analyze the available scientific evidence regarding the influence of the sinonasal microbiome on the development, progression, and management of chronic rhinosinusitis. A systematic literature review was conducted according to the Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analyses (PRISMA) guidelines. Searches were performed in national and international scientific databases, identifying 47 potentially relevant studies. After applying the eligibility criteria, 11 studies were included in the final analysis. The findings demonstrated that patients with chronic rhinosinusitis frequently exhibit reduced bacterial diversity, alterations in microbiota composition, and imbalance between potentially protective microorganisms and species associated with persistent inflammation. Associations were also observed between specific microbial profiles and clinical outcomes, including disease recurrence and treatment response. Recent evidence additionally suggests the involvement of the gut–sinus axis as a complementary mechanism in the pathophysiology of chronic rhinosinusitis. It is concluded that sinonasal microbiome dysbiosis plays an important role in maintaining chronic inflammation and may represent a promising target for future diagnostic and therapeutic strategies. However, methodological heterogeneity among studies highlights the need for further research to better understand host–microbiome interactions.*

**Keywords:** *Sinonasal Microbiome; Chronic Rhinosinusitis; Dysbiosis; Microbiota; Chronic Inflammation.*



## **RESUMEN**

*La rinosinusitis crónica es una enfermedad inflamatoria multifactorial de la cavidad nasal y de los senos paranasales que afecta significativamente la calidad de vida de los pacientes y constituye un importante problema de salud pública. En los últimos años, los avances en las técnicas de secuenciación molecular han permitido una mejor comprensión del microbioma nasosinusal y de su posible participación en la fisiopatología de la enfermedad. El objetivo de este estudio fue analizar la evidencia científica disponible sobre la influencia del microbioma nasosinusal en el desarrollo, progresión y manejo de la rinosinusitis crónica. Se realizó una revisión sistemática de la literatura siguiendo las recomendaciones del Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analyses (PRISMA). Se efectuaron búsquedas en bases de datos científicas nacionales e internacionales, identificándose 47 estudios potencialmente relevantes. Tras la aplicación de los criterios de elegibilidad, 11 artículos fueron incluidos en el análisis final. Los estudios demostraron que los pacientes con rinosinusitis crónica presentan con frecuencia una reducción de la diversidad bacteriana, alteraciones en la composición de la microbiota local y un desequilibrio entre microorganismos potencialmente protectores y especies asociadas a inflamación persistente. También se observaron asociaciones entre determinados perfiles microbiológicos y desenlaces clínicos, incluyendo recurrencia de la enfermedad y respuesta al tratamiento. Evidencias recientes sugieren además la participación del eje intestino-seno paranasal como mecanismo complementario en la fisiopatología de la rinosinusitis crónica. Se concluye que la disbiosis del microbioma nasosinusal desempeña un papel importante en el mantenimiento de la inflamación crónica y puede representar un objetivo potencial para futuras estrategias diagnósticas y terapéuticas. Sin embargo, la heterogeneidad metodológica de los estudios pone de manifiesto la necesidad de investigaciones adicionales para comprender mejor las interacciones entre el huésped y el microbioma.*

**Palabras clave:** *Microbioma Nasosinusal; Rinosinusitis Crónica; Disbiosis; Microbiota; Inflamación Crónica.*

## **1. INTRODUÇÃO**

A rinosinusite crônica (RSC) é uma doença inflamatória multifatorial das cavidades nasais e seios paranasais, caracterizada pela persistência de sintomas por período superior a 12 semanas, incluindo obstrução nasal, rinorreia, dor ou pressão facial e redução do olfato. Trata-se de uma condição de elevada prevalência mundial, associada a impacto significativo na qualidade de vida, redução da produtividade laboral e aumento dos custos relacionados à assistência em saúde. Apesar dos avanços diagnósticos e terapêuticos observados nas últimas décadas, os mecanismos envolvidos na sua fisiopatologia permanecem complexos e ainda não completamente esclarecidos.<sup>1</sup>

Nos últimos anos, evidências crescentes têm sugerido que alterações na composição e diversidade desse microbioma, fenômeno conhecido como disbiose, podem contribuir para o



desenvolvimento e a perpetuação da inflamação crônica observada na rinossinusite crônica. Reduções na diversidade microbiana, aumento da colonização por microrganismos potencialmente patogênicos e alterações na interação entre microbiota e sistema imunológico têm sido associadas à maior gravidade da doença, especialmente em pacientes com rinossinusite crônica com polipose nasal.<sup>2</sup>

Além disso, a compreensão da interação entre microbioma, sistema imunológico e inflamação mucosa tem impulsionado o surgimento de novas perspectivas terapêuticas. Estratégias voltadas para a modulação do microbioma, incluindo o uso de probióticos, terapias biológicas, transplante de microbiota e abordagens direcionadas aos biofilmes bacterianos, vêm sendo investigadas como potenciais alternativas para complementar os tratamentos convencionais e melhorar os resultados clínicos dos pacientes.<sup>3</sup>

Diante da crescente relevância do microbioma nasossinusal na compreensão da fisiopatologia da rinossinusite crônica, torna-se necessário reunir e analisar criticamente as evidências científicas disponíveis sobre o tema. Assim, o presente estudo tem como objetivo realizar uma revisão sistemática da literatura para avaliar o papel do microbioma nasossinusal na patogênese e progressão da rinossinusite crônica, bem como discutir suas potenciais implicações diagnósticas e terapêuticas.

## **2. METODOLOGIA**

Este estudo consiste em uma revisão sistemática da literatura desenvolvida com base nas recomendações do Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analyses (PRISMA), visando reunir e sintetizar evidências sobre a participação do microbioma nasossinusal na fisiopatologia da rinossinusite crônica.

A etapa de levantamento bibliográfico foi realizada por meio de consultas em bases de dados científicas amplamente utilizadas na área da saúde, incluindo PubMed, Scopus, Web of Science e Google Scholar. Para a elaboração da estratégia de busca foram empregados descritores relacionados ao tema, como “sinonasal microbiome”, “nasal microbiota”, “chronic rhinosinusitis”, “dysbiosis”, “biofilms”, “microbioma nasossinusal” e “rinossinusite crônica”, combinados por operadores booleanos de acordo com as especificidades de cada base consultada.

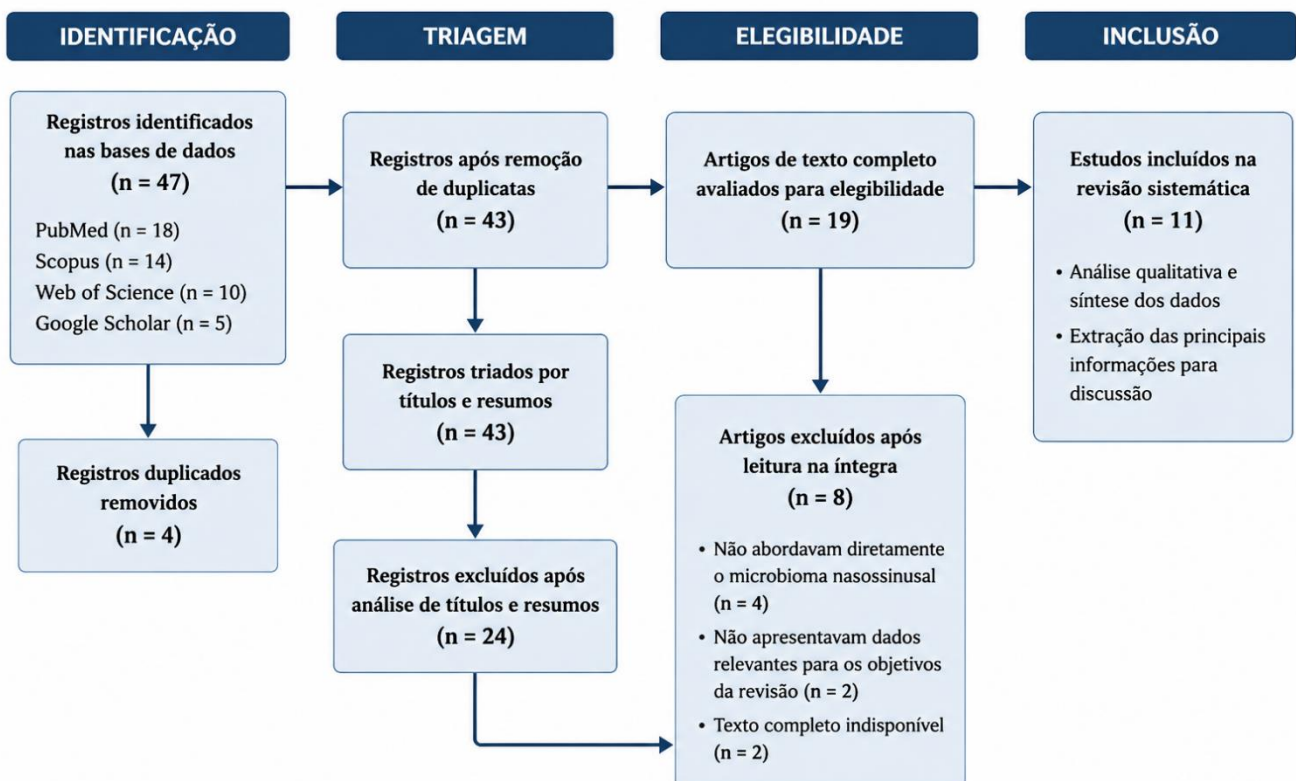
Foram considerados elegíveis artigos publicados em português, inglês ou espanhol que investigassem a composição do microbioma nasossinusal, alterações microbianas associadas à rinossinusite crônica, mecanismos imunológicos envolvidos na doença ou possíveis aplicações clínicas

decorrentes do conhecimento da microbiota local. Estudos repetidos, publicações sem disponibilidade do texto completo, relatos sem relação direta com o tema e trabalhos com informações insuficientes para a análise proposta foram excluídos.

A busca inicial identificou 47 publicações potencialmente relevantes. Após a análise dos títulos e resumos, seguida da leitura integral dos estudos pré-selecionados, foram aplicados os critérios de elegibilidade previamente estabelecidos. Ao término desse processo, 11 artigos foram considerados adequados para compor a amostra final da revisão.

Os dados extraídos dos estudos incluídos contemplaram informações sobre delineamento metodológico, características das populações avaliadas, alterações observadas na microbiota nasossinusal, microrganismos mais frequentemente associados à rinossinusite crônica, mecanismos fisiopatológicos descritos e perspectivas terapêuticas relacionadas à modulação do microbioma. Posteriormente, os achados foram organizados de forma descritiva e comparativa, permitindo a identificação dos principais padrões observados na literatura científica atual (Figura 1).

**Tabela 1.** Processo de seleção dos estudos incluídos na revisão sistemática sobre o papel do microbioma nasossinusal na patogênese e progressão da rinossinusite crônica.



### 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Após a aplicação dos critérios de elegibilidade, foram incluídos 11 estudos que abordaram a relação entre o microbioma nasossinusal e a rinosinusite crônica, contemplando diferentes delineamentos metodológicos, populações e abordagens analíticas. De modo geral, os trabalhos selecionados convergem para a hipótese de que alterações na composição e diversidade da microbiota nasossinusal desempenham papel relevante na patogênese e progressão da rinosinusite crônica.<sup>4</sup>

A Tabela 1 apresenta as principais características dos estudos incluídos nesta revisão, bem como seus objetivos, principais achados e conclusões.

**Tabela 1.** Características metodológicas, principais achados e conclusões dos estudos incluídos na revisão sistemática sobre o microbioma nasossinusal e sua influência na rinosinusite crônica.

Autor/Ano	Tipo de estudo	Objetivo	Principais achados	Principais conclusões
Ramakrishnan, Hauser e Frank (2016) <sup>5</sup>	Revisão narrativa	Revisar o conhecimento disponível sobre o microbioma bacteriano nasossinusal em condições de saúde e doença.	A cavidade nasossinusal abriga uma microbiota rica e diversificada. Pacientes com rinosinusite crônica frequentemente apresentam redução da riqueza e diversidade bacteriana.	Alterações na composição e diversidade do microbioma podem contribuir para o desenvolvimento e manutenção da rinosinusite crônica.
Anderson <i>et al.</i> (2016) <sup>6</sup>	Revisão sistemática	Avaliar o papel do microbioma na rinosinusite crônica por meio de estudos utilizando sequenciamento do gene 16S rRNA.	<i>Firmicutes</i> , <i>Actinobacteria</i> e Bacteroidetes foram encontrados tanto em indivíduos saudáveis quanto em pacientes com rinosinusite crônica. Alguns estudos demonstraram aumento de <i>Staphylococcus aureus</i> , porém sem consenso entre os resultados.	Não existe evidência de um único microrganismo responsável pela doença, sugerindo que a interação entre microbioma e hospedeiro seja mais relevante para a fisiopatologia da rinosinusite crônica.
Ou <i>et al.</i> (2018) <sup>7</sup>	Estudo prospectivo clínico	Investigar a associação entre <i>Staphylococcus aureus</i> e recorrência da rinosinusite crônica após cirurgia endoscópica dos seios paranasais.	A presença de <i>S. aureus</i> antes e após a cirurgia esteve associada a maiores taxas de recorrência da doença e piores desfechos clínicos.	<i>S. aureus</i> pode atuar como marcador prognóstico negativo e contribuir para a persistência da inflamação e recorrência da rinosinusite crônica.
Wang <i>et al.</i> (2020) <sup>8</sup>	Revisão sistemática	Avaliar a associação entre microbioma nasossinusal e desfechos clínicos em pacientes com rinosinusite crônica.	<i>Corynebacterium</i> esteve associado a melhores resultados cirúrgicos, enquanto <i>Escherichia</i> , <i>Pseudomonas aeruginosa</i> e <i>Corynebacterium tuberculostearicum</i> apresentaram associação com maior gravidade dos sintomas.	Certos perfis microbianos podem influenciar a evolução clínica e os resultados terapêuticos da rinosinusite crônica.

Psaltis <i>et al.</i> (2022) <sup>9</sup>	Revisão narrativa	Revisar as evidências sobre disbiose e microbioma na fisiopatologia da rinossinusite crônica.	A disbiose, caracterizada pela perda da diversidade bacteriana e alterações na composição da microbiota, foi apontada como importante mecanismo associado à doença.	A manipulação terapêutica do microbioma representa uma potencial estratégia futura para o tratamento da rinossinusite crônica.
Fischer e Lee (2024) <sup>10</sup>	Revisão de atualização	Avaliar evidências recentes sobre o papel do microbioma e terapias capazes de modificá-lo na rinossinusite crônica.	Maior biodiversidade microbiana esteve associada a melhores desfechos clínicos. Probióticos e bacteriófagos surgem como abordagens terapêuticas promissoras.	A diversidade microbiana parece exercer efeito protetor, embora ainda não esteja completamente esclarecido se as alterações observadas são causa ou consequência da doença.
Ccami-Bernal <i>et al.</i> (2024) <sup>11</sup>	Scoping review	Explorar aspectos metodológicos e microbiológicos do microbioma nasossinusal em pacientes com rinossinusite crônica.	Foram observados aumento de <i>Haemophilus</i> e <i>Pseudomonas</i> , redução de <i>Propionibacterium</i> e <i>Anaerococcus</i> , além de menor diversidade bacteriana em pacientes com rinossinusite crônica.	A disbiose parece estar associada à inflamação crônica da mucosa nasossinusal, embora haja necessidade de maior padronização metodológica entre os estudos.
Lang <i>et al.</i> (2025) <sup>12</sup>	Revisão narrativa	Avaliar a influência do microbioma nasossinusal no desenvolvimento e manejo da rinossinusite crônica.	A teoria da disbiose foi apontada como principal modelo explicativo da doença. Alterações da microbiota podem influenciar a resposta inflamatória e a eficácia dos tratamentos.	A compreensão do microbioma poderá favorecer o desenvolvimento de terapias personalizadas voltadas à restauração do equilíbrio microbiano.
Revisão Sistemática e Metanálise sobre Microbioma Nasal e Rinossinusite Crônica (2025) <sup>13</sup>	Revisão sistemática e metanálise	Avaliar o papel do microbioma nasal na fisiopatologia da rinossinusite crônica.	Observou-se aumento de <i>Haemophilus influenzae</i> , redução de <i>Corynebacterium spp.</i> e diminuição significativa da diversidade bacteriana em pacientes com rinossinusite crônica.	A disbiose constitui importante mecanismo fisiopatológico da doença e reforça a necessidade de estratégias diagnósticas e terapêuticas individualizadas.
Väärä (2025) <sup>14</sup>	Revisão de literatura	Comparar a composição bacteriana entre pacientes com e sem rinossinusite crônica.	Não foram identificadas espécies bacterianas específicas consistentemente associadas à doença, embora diferenças globais na composição microbiana tenham sido observadas.	As alterações parecem ocorrer principalmente em nível comunitário do microbioma, e não pela ação isolada de uma única bactéria.
Ashok <i>et al.</i> (2026) <sup>15</sup>	Revisão sistemática	Investigar o papel do eixo intestino-seio paranasal na fisiopatologia da rinossinusite crônica.	Pacientes com rinossinusite crônica apresentaram redução de bactérias intestinais produtoras de ácidos graxos de cadeia curta e aumento de marcadores inflamatórios sistêmicos.	Os achados sustentam a existência do eixo intestino-seio paranasal, sugerindo que a disbiose intestinal possa contribuir para a inflamação crônica das vias aéreas superiores.

De maneira geral, os estudos analisados demonstraram que a rinossinusite crônica (RSC) está associada a importantes alterações na composição e diversidade do microbioma nasossinusal. Embora ainda não exista consenso quanto à participação de microrganismos específicos na etiopatogenia da



doença, as evidências atuais apontam para a disbiose microbiana como um dos principais mecanismos envolvidos na manutenção da inflamação crônica da mucosa nasossinusal. Nesse contexto, a doença parece resultar não da presença isolada de um patógeno específico, mas do desequilíbrio das interações entre as comunidades microbianas e o sistema imunológico do hospedeiro.<sup>16</sup>

Os estudos mais recentes reforçam a hipótese de que a diversidade microbiana exerce papel fundamental na manutenção da homeostase da mucosa nasossinusal. Ramakrishnan, Hauser e Frank (2016), Fischer e Lee (2024) e a metanálise publicada em 2025 observaram que pacientes com RSC frequentemente apresentam redução significativa da riqueza e diversidade bacteriana quando comparados a indivíduos saudáveis. Esse fenômeno é consistente com observações realizadas em outras doenças inflamatórias crônicas, como doença inflamatória intestinal, dermatite atópica e asma, nas quais a perda da diversidade microbiana está associada à quebra dos mecanismos regulatórios da imunidade local. Dessa forma, a biodiversidade do microbioma pode ser interpretada como um importante marcador de equilíbrio ecológico e proteção contra processos inflamatórios persistentes.

Outro aspecto amplamente discutido na literatura refere-se ao papel potencialmente protetor de determinadas bactérias comensais. Wang *et al.* (2020) identificaram associação entre maior abundância de *Corynebacterium* e melhores resultados cirúrgicos em pacientes com RSC. Da mesma forma, a metanálise de 2025 demonstrou redução significativa desse gênero bacteriano nos indivíduos acometidos pela doença. Tais achados sugerem que determinadas espécies de *Corynebacterium* possam contribuir para a estabilidade ecológica da microbiota, limitando a proliferação de microrganismos potencialmente patogênicos e modulando respostas inflamatórias locais. Esse conceito reforça a visão de que a proteção conferida pelo microbioma depende não apenas da ausência de patógenos, mas também da presença de microrganismos capazes de exercer funções imunomoduladoras benéficas.

Em contraste, diversos estudos destacaram a associação entre determinados microrganismos e desfechos clínicos desfavoráveis. A presença de *Staphylococcus aureus* foi relacionada à recorrência da doença após cirurgia endoscópica dos seios paranasais, conforme demonstrado por Ou *et al.* (2018). Além disso, Wang *et al.* (2020) identificaram correlação entre espécies como *Escherichia* e *Pseudomonas aeruginosa* e maior intensidade dos sintomas clínicos. Esses resultados sugerem que algumas bactérias podem atuar como facilitadoras da inflamação persistente por meio da produção de toxinas, formação de biofilmes, indução de citocinas pró-inflamatórias e modulação inadequada da resposta imune da mucosa respiratória.



A relevância dos biofilmes bacterianos merece destaque especial na compreensão da rinossinusite crônica. Embora nem todos os estudos incluídos tenham abordado diretamente esse fenômeno, a literatura contemporânea demonstra que comunidades bacterianas organizadas em biofilmes apresentam maior resistência à ação dos antibióticos e aos mecanismos de defesa do hospedeiro. Essa característica pode explicar, ao menos parcialmente, a persistência dos sintomas e a elevada taxa de recorrência observada em alguns pacientes, mesmo após intervenções cirúrgicas e tratamento medicamentoso adequado. Dessa forma, a simples erradicação bacteriana pode não ser suficiente para restaurar a homeostase microbiana, tornando necessária a compreensão das complexas interações ecológicas presentes na mucosa nasossinusal.<sup>17</sup>

Outro ponto importante identificado nesta revisão foi a ausência de um perfil microbiológico universalmente associado à RSC. Anderson *et al.* (2016) e Väärä (2025) não encontraram evidências consistentes que permitissem atribuir a doença a uma única espécie bacteriana ou a um conjunto específico de microrganismos. Essa heterogeneidade sugere que a rinossinusite crônica constitui uma condição multifatorial, influenciada por fatores genéticos, ambientais, imunológicos e microbiológicos. Consequentemente, diferentes fenótipos e endotipos da doença podem apresentar perfis microbianos distintos, contribuindo para a variabilidade observada entre os estudos.

Nos últimos anos, uma nova perspectiva tem ampliado a compreensão da fisiopatologia da rinossinusite crônica: o conceito do eixo intestino-seio paranasal. A revisão sistemática conduzida por Ashok *et al.* (2026) demonstrou que alterações da microbiota intestinal estão associadas a modificações sistêmicas da resposta imunológica, incluindo aumento de citocinas pró-inflamatórias e redução de bactérias produtoras de ácidos graxos de cadeia curta. Esses metabólitos desempenham importante papel na regulação imunológica e na manutenção da integridade das barreiras mucosas. Dessa forma, a disbiose intestinal pode influenciar processos inflamatórios à distância, contribuindo para o desenvolvimento ou agravamento da rinossinusite crônica. Essa hipótese amplia significativamente a compreensão da doença, sugerindo que sua origem pode transcender o ambiente local da cavidade nasal.

As implicações terapêuticas desses achados também merecem atenção. Os estudos de Fischer e Lee (2024), Lang *et al.* (2025) e Psaltis *et al.* (2022) destacam que intervenções voltadas para a modulação do microbioma representam uma área promissora de investigação. Entre as estratégias avaliadas encontram-se probióticos, prebióticos, bacteriófagos, transplante microbiológico e



abordagens nutricionais capazes de favorecer o crescimento de comunidades bacterianas benéficas. Embora os resultados ainda sejam preliminares, tais terapias apresentam potencial para complementar os tratamentos convencionais, especialmente nos casos refratários ou recorrentes.

Entretanto, apesar do avanço expressivo observado na última década, importantes limitações permanecem. Os estudos incluídos utilizaram diferentes técnicas de coleta, regiões anatômicas de amostragem, plataformas de sequenciamento e critérios diagnósticos, dificultando comparações diretas entre os resultados. Além disso, permanece incerto se as alterações microbiológicas observadas representam a causa primária da doença ou uma consequência do processo inflamatório já estabelecido. Essa relação bidirecional continua sendo um dos principais desafios da pesquisa contemporânea sobre microbioma e rinosinusite crônica.<sup>18</sup>

Em conjunto, as evidências analisadas sustentam a hipótese de que a disbiose do microbioma nasossinusal desempenha papel relevante na fisiopatologia da rinosinusite crônica. A redução da diversidade bacteriana, a diminuição de microrganismos potencialmente protetores e o aumento de espécies associadas à inflamação parecem contribuir para a persistência da doença. Embora ainda existam lacunas importantes no conhecimento, os avanços recentes indicam que a compreensão das interações entre microbioma, sistema imunológico e ambiente poderá transformar futuramente tanto o diagnóstico quanto o tratamento da rinosinusite crônica, favorecendo abordagens mais precisas e individualizadas.

#### **4. CONCLUSÕES**

A presente revisão sistemática evidenciou que o microbioma nasossinusal desempenha papel relevante na fisiopatologia da rinosinusite crônica, reforçando a hipótese de que a disbiose microbiana constitui um dos principais mecanismos envolvidos na manutenção da inflamação persistente da mucosa nasal e dos seios paranasais. Os estudos analisados demonstraram que pacientes com rinosinusite crônica frequentemente apresentam redução da diversidade bacteriana, diminuição de microrganismos potencialmente protetores, como espécies do gênero *Corynebacterium*, e aumento de bactérias associadas a processos inflamatórios e piores desfechos clínicos.

Além disso, observou-se que a interação entre microbioma e sistema imunológico exerce influência significativa na evolução da doença, destacando a importância de compreender a rinosinusite crônica como uma condição multifatorial resultante da interação entre fatores



microbiológicos, imunológicos, ambientais e genéticos. Evidências recentes também sugerem a participação do eixo intestino-seio paranasal, ampliando a compreensão dos mecanismos envolvidos na inflamação crônica das vias aéreas superiores.

Embora os resultados reforcem a importância do microbioma na patogênese da rinossinusite crônica, permanecem limitações relacionadas à heterogeneidade metodológica dos estudos, à ausência de protocolos padronizados para análise microbiológica e à dificuldade em estabelecer relações causais definitivas. Dessa forma, novas pesquisas com metodologias mais uniformes e acompanhamento longitudinal são necessárias para esclarecer o papel específico dos microrganismos envolvidos e consolidar estratégias terapêuticas baseadas na modulação do microbioma.

Em conjunto, as evidências atuais indicam que o microbioma nasossinusal representa um importante alvo para futuras abordagens diagnósticas e terapêuticas, podendo contribuir para o desenvolvimento de tratamentos mais eficazes, personalizados e capazes de melhorar o prognóstico dos pacientes com rinossinusite crônica.



## REFERENCIAS

1. Vlaminc S, Acke F, Scadding GK, Lambrecht BN, Gevaert P. Pathophysiological and clinical aspects of chronic rhinosinusitis: current concepts. *Front Allergy*. 2021;2:741788. doi:10.3389/falgy.2021.741788.
2. Feng JJ, Maddirala NR, Saint Fleur A, Zhou F, Yu D, Wei F, Zhang Y. Gut microbiome and immune system crosstalk in chronic inflammatory diseases: a narrative review of mechanisms and therapeutic opportunities. *Microorganisms*. 2025;13(11):2516. doi:10.3390/microorganisms13112516.
3. Zeng J, He Z, Wang G, Ma Y, Zhang F. Interaction between microbiota and immunity: molecular mechanisms, biological functions, diseases, and new therapeutic opportunities. *MedComm* (2020). 2025;6(7):e70265. doi:10.1002/mco2.70265.
4. Cho DY, Hunter RC, Ramakrishnan VR. The microbiome and chronic rhinosinusitis. *Immunol Allergy Clin North Am*. 2020;40(2):251-263. doi:10.1016/j.iac.2019.12.009.
5. Ramakrishnan VR, Hauser LJ, Frank DN. The sinonasal bacterial microbiome in health and disease. *Curr Opin Otolaryngol Head Neck Surg*. 2016;24(1):20-25. doi:10.1097/MOO.0000000000000221.
6. Anderson M, Stokken J, Sanford T, Aurora R, Sindwani R. A systematic review of the sinonasal microbiome in chronic rhinosinusitis. *Am J Rhinol Allergy*. 2016;30(3):161-166. doi:10.2500/ajra.2016.30.4320.
7. Ou J, Sacks R, Harvey RJ, et al. Staphylococcus aureus on sinus culture is associated with recurrence of chronic rhinosinusitis after endoscopic sinus surgery. *Front Cell Infect Microbiol*. 2018;8:150. doi:10.3389/fcimb.2018.00150.
8. Wang JC, Moore CA, Epperson MV, Sedaghat AR. Association of the sinonasal bacterial microbiome with clinical outcomes in chronic rhinosinusitis: a systematic review. *Int Forum Allergy Rhinol*. 2020;10(4):433-443. doi:10.1002/alr.22524.
9. Psaltis A, Mackenzie B, Cope E, et al. Unraveling the role of the microbiome in chronic rhinosinusitis. *J Allergy Clin Immunol*. 2022;149(5):1513-1521. doi:10.1016/j.jaci.2022.02.005.
10. Fischer JL, Lee JT. Update on the role of the microbiome in chronic rhinosinusitis. *Curr Treat Options Allergy*. 2024;11:17-33. doi:10.1007/s40521-024-00361-0.
11. Ccami-Bernal F, Barriga-Chambi F, Ortiz-Benique ZN, Ferrary E, Torres R. Variability of the microbiota in chronic rhinosinusitis: a scoping review. *OTO Open*. 2024;8:e70029. doi:10.1002/oto2.70029.



12. Lang M, Bereza D, Kulak-Waśniewska M, Moreau I, Polańska P, Sokołowska K, Woch B. The influence of the sinonasal microbiome on the development and management of rhinosinusitis. *J Educ Health Sport*. 2025;77:56769. doi:10.12775/JEHS.2025.77.56769.
13. The role of nasal microbiome in the pathogenesis of chronic rhinosinusitis: a systematic review and meta-analysis. *Otorhinolaryngology*. 2025;1(2):52-63. doi:10.37219/2528-8253-2025-1-2-52.
14. Väärä R. Sinonasal bacteria associated with chronic rhinosinusitis. Kuopio: University of Eastern Finland, Faculty of Health Sciences, School of Medicine; 2025.
15. Ashok V, Mohan M, Sasidharan S, Mampally TV, Sajeed S, Juline A. Gut–sinus axis and the role of the microbiome in the pathogenesis of chronic rhinosinusitis: a literature review. *Sinusitis*. 2026;10(1):5. doi:10.3390/sinusitis10010005.
16. Ccami-Bernal F, Barriga-Chambi F, Ortiz-Benique ZN, Ferrary E, Torres R. Variability of the microbiota in chronic rhinosinusitis: a scoping review. *OTO Open*. 2024;8(4):e70029. doi:10.1002/oto2.70029.
17. Sharma S, Mohler J, Mahajan SD, Schwartz SA, Bruggemann L, Aalinkeel R. Microbial biofilm: a review on formation, infection, antibiotic resistance, control measures, and innovative treatment. *Microorganisms*. 2023;11(6):1614. doi:10.3390/microorganisms11061614.
18. Rong R, Long Y, Li Y, Lin L, Yang J, Hu Z, Liu D, Chen P. Metagenomic and targeted next-generation sequencing in infectious disease diagnostics: current applications, challenges, and future perspectives. *Diagnostics (Basel)*. 2026;16(7):991. doi:10.3390/diagnostics16070991.