

# 头皮微生态失衡在雄激素性脱发中的作用机制与干预策略研究进展

杨述, 常晶\*

内蒙古民族大学临床医学院, 内蒙古 通辽

收稿日期: 2026年5月11日; 录用日期: 2026年6月5日; 发布日期: 2026年6月16日

## 摘要

雄激素性脱发(AGA)是临床上极为常见的进行性脱发, 受遗传因素、激素因素、局部微环境等多种因素共同影响。近年来, 人们越来越关注头皮微生态失衡在AGA发生、发展中的作用。本文梳理了毛囊周围丙酸杆菌属、马拉色菌属、葡萄球菌属等核心菌群组成变化与AGA的关系, 通过菌群失调引起免疫反应、破坏毛囊周围屏障、影响毛囊干细胞微环境、介导炎症信号通路等过程形成促脱发炎症微环境, 介绍了从“菌群失调”到“炎症微环境”的级联反应机制, 探讨了以头皮微生态为靶点的AGA诊断和治疗新策略。

## 关键词

雄激素性脱发, 头皮微生态, 毛囊周围菌群, 炎症微环境, 丙酸杆菌, 免疫反应

## Research Progress on the Mechanism and Intervention Strategies of Scalp Microecological Imbalance in Androgenetic Alopecia

Shu Yang, Jing Chang\*

School of Clinical Medicine, Inner Mongolia Minzu University, Tongliao Inner Mongolia

Received: May 11, 2026; accepted: June 5, 2026; published: June 16, 2026

## Abstract

Androgenetic alopecia (AGA) is an extremely common progressive hair loss disease in clinical

\*通讯作者。

文章引用: 杨述, 常晶. 头皮微生态失衡在雄激素性脱发中的作用机制与干预策略研究进展[J]. 临床医学进展, 2026, 16(6): 979-984. DOI: 10.12677/acm.2026.1662302

practice, which is affected by multiple factors such as genetic factors, hormonal factors and local microenvironment. In recent years, increasing attention has been paid to the role of scalp microecological imbalance in the occurrence and development of AGA. This paper reviews the relationship between changes in the composition of core flora around hair follicles (such as *Cutibacterium*, *Malassezia*, *Staphylococcus*) and AGA. It elaborates that flora imbalance forms a hair loss-promoting inflammatory microenvironment by triggering immune responses, damaging the perifollicular barrier, affecting the hair follicle stem cell microenvironment, and mediating inflammatory signaling pathways. The cascade mechanism from “flora imbalance” to “inflammatory microenvironment” is introduced, and new strategies for the diagnosis and treatment of AGA targeting scalp microecology are discussed.

## Keywords

Androgenetic Alopecia, Scalp Microecology, Perifollicular Flora, Inflammatory Microenvironment, *Cutibacterium*, Immune Responses

Copyright © 2026 by author(s) and Hans Publishers Inc.

This work is licensed under the Creative Commons Attribution International License (CC BY 4.0).

<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>



Open Access

## 1. 引言

雄激素性脱发(AGA)是临床最常见的脱发类型,传统病理生理观点认为,AGA的原因是毛囊对二氢睾酮(DHT)等雄激素的敏感,进而导致毛囊微型化[1],该理论无法解释AGA患病的个体差异,也无法解释AGA患者头皮大多有局部炎症[2]。随着研究微生物组学的深入,发现头皮是人体独特的皮肤生态区域,其常驻微生物群落所构成的头皮微生态与毛发健康密切相关。越来越多的研究表明,AGA患者头皮具有重要的微生态失调现象,这不是脱发导致的必然结果,而是刺激头皮慢性低度炎症发生,主动参与和加速毛囊微型化的主要原因[3]。

微生态失调导致脱发的病理机制是失调的微生物通过多种途径诱发和维持毛囊周围炎症微环境。有研究表明,肠道菌群失调会通过肠-皮肤轴来影响远端皮肤的炎症[4],头皮某一菌群过多或过少,同样会激活人体的固有免疫反应,皮肤常驻微生物会激活固有免疫产生抗菌肽、诱导炎症小体,调节皮肤屏障[5]。对AGA患者而言,头皮菌群失调也可通过类似的途径引起局部低度炎症,释放促炎细胞因子影响毛囊正常生长周期,最终造成毛囊微型化[2]。这种局部炎症驱动的发病机制既完善了传统雄激素中心理论,也解释了抗炎干预在部分AGA患者有效的原因。

梳理头皮微生态失衡从改变菌群、皮脂分泌到逐步诱发并维持毛囊周围炎症微环境的全过程,有助于全面揭示AGA的病理生理机制,并研发新的治疗方法[3]。本文围绕这一思路,全面综述相关研究进展。

## 2. 雄激素性脱发患者头皮微生态特征

### 2.1. 优势菌群比例失调

AGA患者头皮微生态主要表现在优势菌群比例失调,造成毛囊周围微生物多样性减少,菌群总体结构改变[6],与健康人群相比,AGA患者头皮促炎性微生物的相对丰度异常高,有益微生物的丰度明显下降。日本男性人群研究表明,AGA患者头皮痤疮丙酸杆菌(*Cutibacterium acnes*)数量明显增多,表皮葡萄球菌的相对丰度明显减少[7],这种比例失调直接破坏了头皮微生态的稳定。同时,在油脂分泌较多的AGA

患者头皮区域中, 马拉色菌属等亲脂性真菌数量增加[8], 代谢产生的物质刺激头皮产生炎症反应, 促进毛囊周围环境紊乱。中国 AGA 患者研究表明, 在头顶等脱发区域的毛囊中, 痤疮丙酸杆菌丰度明显高于枕后部等非脱发区域和健康人群[6], 表明特定微生物过度繁殖与毛囊微型化的过程有关。

## 2.2. 微生物定植位点与毛囊解剖结构相关

头皮的微生物主要定植在毛囊漏斗部和皮脂腺, 其分布与毛囊解剖结构有关。AGA 患者毛囊微型化后其皮脂分泌成分改变, 为某些特定的微生物过度繁殖提供了条件[3]。正如上文论述, AGA 患者头皮皮脂中甘油三酯和棕榈酸含量更高, 这类脂质物质能够为痤疮丙酸杆菌、马拉色菌等亲脂性微生物提供营养, 刺激其生长繁殖[8]。另外, 微生态失衡并非仅表现在皮肤表面, 还表现在毛囊内: 研究人员将毛囊中段和下段取出进行分析发现, AGA 患者微型化毛囊中段和下段都有大量的痤疮丙酸杆菌聚集[6], 这种毛囊内部微生态失调会影响到毛囊隆突部干细胞生长微环境, 干扰毛囊正常生长, 从而加快 AGA 病理发展; 同时通过紫外线诱导荧光皮肤镜观察 AGA 患者的特定区域表现为红色荧光, 且该处痤疮丙酸杆菌丰度明显超过非荧光区域[9], 因此, 头皮红色荧光与痤疮丙酸杆菌异常富集之间存在较强关联, 将特定微生物的定植与 AGA 临床症状相联系, 微生物可以通过改变头皮局部微环境参与毛囊病理改变。

## 3. 微生态失衡致使毛囊周围炎症的发生机理

### 3.1. 微生态失衡通过激活固有免疫应答诱导雄激素性脱发毛囊周围炎症的分子机制

头皮微生态失衡, 特别是过度生长的某些微生物, 往往首先引起毛囊周围炎症级联反应。AGA 患者头皮菌群失调包括痤疮丙酸杆菌等亲脂性细菌丰富、棒状杆菌属缺乏[3][8]。这些亲脂性微生物可分泌脂肪酶水解皮脂中甘油三酯产生游离脂肪酸(如棕榈酸), 同时其自身成分(如细胞壁)和代谢产物(如吡啶)可直接激活毛囊角质形成细胞和皮脂细胞上的 Toll 样受体 2 (TLR2)及 NLRP3 炎症小体。上述通路激活后可促进 IL-1 $\beta$ 、IL-6、IL-8 和 TNF- $\alpha$  等多种促炎细胞因子释放, 形成毛囊周围微炎症环境。最终诱导毛囊干细胞凋亡并加快从生长期向退行期转变, 使得毛囊变得更为微型化或出现脱发[10]。而这些炎症介质也能够募集更多免疫细胞, 增强局部炎症反应, 破坏毛囊功能, 使得毛发周期提前进入休止期, 这也是 AGA 发病的重要原因[3]。

### 3.2. 微生物代谢产物对毛囊环境的直接损伤

除微生物自身结构成分外, 微生物代谢产物直接损伤毛囊微环境, 加重炎症和毛囊功能障碍。丙酸杆菌等微生物分泌脂肪酶, 将皮脂腺分泌的甘油三酯转变为游离脂肪酸[8]。AGA 患者头皮皮脂中甘油三酯和棕榈酸含量较高, 为微生物提供了充足的底物[8], 分解出的油酸等部分游离脂肪酸会促炎, 直接刺激毛囊上皮组织发生炎症反应; 马拉色菌等亲脂性真菌以头皮脂质为营养, 其微生物协同代谢, 会改变毛囊漏斗部的局部环境, 使角质层增厚, 产生较小的毛囊周围角栓。在物理上阻碍毛干的生长的同时, 还会导致头皮缺氧和炎症, 以及进一步形成“菌群失调-代谢异常-炎症加重”的恶性循环, 进而促进 AGA 的发展[3]。

## 4. 炎症微环境对毛囊生物学行为的影响

### 4.1. 影响毛囊干细胞及周期调控

毛囊隆突区干细胞是毛囊再生的关键, AGA 所形成的炎症微环境会严重影响毛囊的正常功能。已有研究证实 AGA 患者并非毛囊干细胞数量绝对降低, 而是干细胞向活性祖细胞转化的过程受到阻碍[5]。毛囊周围炎症可能通过激活外源性凋亡通路直接诱导毛囊细胞凋亡, 并与毛囊微型化程度呈正相关。同

时, 马拉色菌过度繁殖、紫外线等环境因素可促进补体 C5、IL-1 $\alpha$ 、IL-1 $\beta$  等促炎细胞因子的级联释放, 加剧局部雄激素代谢失衡, 从而干扰毛囊周期调控, 加速 AGA 进展[11], Wnt/ $\beta$ -catenin 通路是启动毛囊再生与维持周期循环的关键信号, AGA 患者中该通路受到抑制: 激活因子 WNT10A 表达下降, 而抑制剂 DKK-1 和 SFRP1 显著升高, 从而阻断毛囊干细胞向活性祖细胞的转化, 导致毛囊周期紊乱和微型化。此外, FOXC1、RUNX1 等基因通过与 Wnt 通路相互作用调控毛囊干细胞命运, 其异常会进一步加剧干细胞耗竭和脱发进展[12]; 慢性炎症会促进毛囊乳头细胞(dermal papilla cell, DPC)功能减退, 使其作为毛囊“指挥中心”支持毛发生长的信号能力下降, 加快毛囊的微型化[13]。

## 4.2. 促进毛囊周围纤维化与微型化

长期存在的炎症微环境促进了毛囊周围纤维化与毛囊微型化的发展。AGA 患者体内的炎症反应激活了毛囊周围成纤维细胞, 使其变为收缩与分泌的肌成纤维细胞, 同时促进胶原等细胞外基质增生, 最终导致毛囊周围纤维化[13], 并进一步加速了毛囊微型化过程, 使粗硬的终毛逐渐变成细软的毳毛[11]。炎症微环境中 IL-1 $\beta$ 、TNF- $\alpha$  及 TGF- $\beta$ 1 的协同升高可促进纤维化, 类似机制在痛风动物研究中也得到证实[14], 而头皮菌群的失调, 特别是某种菌群的比例改变引起的脂嗜细菌相关炎症会促进这一过程, 加重脱发的发生[3]。因此, 炎症导致的纤维化既改变了毛囊的物理生长环境, 同时也破坏了毛囊赖以生存的生化信号网络, 最终导致了 AGA 的特征性病理变化。

## 5. 以头皮微生态为靶点的诊断与治疗

### 5.1. 基于微生物标志物的诊断潜能

利用高通量测序技术可以定量分析头皮部位的菌群, 发现与 AGA 有关的特异性微生物标志物。例如, 对 HIV 阳性患者进行皮肤微生态研究后发现: 高通量测序能够检测马拉色菌的定植密度变化, 这一思路同样适合 AGA 的微生物标志物研究。HIV 阳性患者头皮马拉色菌定植密度显著高于健康对照[15], 提示马拉色菌属等真菌的过度繁殖或比例变化可能与 AGA 的病情发展及严重程度相关。

代谢组学可以通过对头皮的脂质和微生物的代谢产物变化进一步观察, 来发现微生态失衡对功能的影响。如紫外线可引起头皮氧化应激、微生态的改变, 导致毛囊周围炎症等[16]。利用宏基因组学和代谢组学研究数据, 建立多维诊断指标用于 AGA 亚型、早期诊断及预后判断, 更好地实现个体化诊疗。

### 5.2. 微生态调节治疗方式

头皮微生态失衡的治疗提供了 AGA 的新思路, 多种干预方式都具有潜在应用价值。在确认患者头皮已经发生病原微生物过度繁殖的情况下, 可进行靶向抗菌或者抗真菌治疗, 但现有证据显示其临床应用仍存在局限: 酮康唑虽然也能够治疗皮肤真菌感染, 但在兽医模型试验中发现胃肠道耐受性差、样本量小, 且缺乏随机对照研究, 其安全和有效需要进一步观察[17]; 克林霉素、红霉素等局部抗菌剂通常可以抑制痤疮丙酸杆菌, 但长期使用易诱导细菌耐药性, 停药后菌群迅速恢复, 载体安全性未充分评估, 自身对照设计可能高估疗效[18], 但应避免广谱灭菌破坏头皮微生态平衡引起微生物耐药或者继发菌群失调。

因此, 从全身角度调节菌群成为一种更安全的替代策略。相比而言, 基于微生态调节的策略更适用于临床: 可口服益生元或后生元调节肠道菌群, 间接改善全身炎症状态和皮肤屏障功能, 促进毛发生长[19]。值得注意的是, 这些证据主要来自肠道-皮肤轴的研究, 针对头皮局部菌群移植仍处于理论探索阶段。

目前更现实和有效的是联合治疗, 例如将米诺地尔与酮康唑洗发水或其它抗雄激素药物结合使用,

该方案可通过抗炎、抗雄激素以及促进毛囊生长三重机制发挥协同作用, 提高 AGA 的临床效果[16]。

## 6. 结论

头皮微生态失调在 AGA 发病中所起到的作用逐渐明显, 并不是脱发的被动结果, 而是主动影响疾病发生发展的重要因素。具体的作用逻辑为: 痤疮丙酸杆菌、马拉色菌等特殊条件致病菌过度繁殖, 打破了头皮微生物的固有稳定状态。这些微生物通过激活 TLR2 和 NLRP3 炎症小体等先天免疫通路, 释放促炎细胞因子和趋化因子, 在毛囊周围形成慢性低度炎症微环境, 直接破坏毛囊隆突区干细胞的自我更新和分化, 同时抑制毛囊正常生长, 缩短生长期、延长休止期, 促进毛囊周围纤维化进程; 最终在多种因素的共同作用下造成毛囊微型化、毛发脱落。这一从“菌群失调”到“免疫激活”再到“毛囊损伤”的级联反应, 构成了一个在 AGA 发生发展中相对独立于传统雄激素通路的重要病理过程。

这一新的视角, 对 AGA 的认知和治疗产生了重要影响。第一, 患者头皮微生态组成、免疫应答强度和遗传背景的差异, 可导致疾病进展和治疗反应的不同, 未来需要更细致地根据微生物标志物或炎症谱开展 AGA 亚群分型; 第二, 开辟了 AGA 新型疗法的一个新途径: 单纯抗雄激素治疗并不能全部消除微生物-炎症轴造成的毛囊结构性损伤, 针对头皮微生态调节将是已有疗法的重要补充或者同时治疗。主要包括三大方向: 一是精准抗菌。即针对某种过度增殖的致病菌使用局部抗菌剂, 而非广谱灭菌; 二是生态调节。即外用益生元、后生元或者益生菌制剂竞争抑制病原菌, 恢复头皮微生态; 三是更先进的微生物移植疗法。其根本目的在于“治本”, 通过恢复健康的头皮微生态, 消除引起继发炎症的源头, 为毛囊再生创造条件。

另外也需要意识到, 与头皮微生态相关的相关研究仍处于快速发展阶段, 尽管大量横断面研究表明 AGA 患者与健康人群头皮菌群有所区别, 患者头皮炎症标志物升高。但两者严格因果关联证据还需进一步加强。部分研究结果存在矛盾, 可能与研究样本大小、头皮采样部位、测序方法、研究人群种族、患者疾病分期等因素有关。长期纵向追踪 AGA 患者微生态变化, 明确菌群失调发生于脱发之前、之中还是之后, 从而确定因果关系; 在更为大规模、多中心的人群中, 验证具体微生物或代谢物是否为 AGA 诊断、预后生物标志物; 最重要的是将各类微生态干预(单药或联合治疗)客观地展现出来, 客观评估各项微生态干预对 AGA 患者的疗效和安全性以及对患者长期预后的影响; 通过多层次、高证据等级的研究, 将头皮微生态从科学概念转化为临床诊疗的新靶点, 真正做到为 AGA 患者打造更全面、个性化的诊疗方案。

## 参考文献

- [1] Devjani, S., Ezemma, O., Kelley, K.J., Stratton, E. and Senna, M. (2023) Androgenetic Alopecia: Therapy Update. *Drugs*, **83**, 701-715. <https://doi.org/10.1007/s40265-023-01880-x>
- [2] Xiao, Y., Zhang, Y., Deng, S., Yang, X. and Yao, X. (2025) Immune and Non-Immune Interactions in the Pathogenesis of Androgenetic Alopecia. *Clinical Reviews in Allergy & Immunology*, **68**, Article No. 22. <https://doi.org/10.1007/s12016-025-09034-5>
- [3] Sugita, T. (2025) Skin Microbiome and Dermatitis: Focusing on Two Distinct Skin Diseases, Atopic Dermatitis and Androgenetic Alopecia. *Yakugaku Zasshi*, **145**, 689-695. <https://doi.org/10.1248/yakushi.24-00190-5>
- [4] Tian, Y., Jin, W., Jin, X., Wang, Y., Wu, R., Yu, R., et al. (2025) Fecal Microbiota Transplantation Promotes Hair Growth through Gut Microbiome and Metabolic Regulation. *Life Sciences*, **379**, Article 123887. <https://doi.org/10.1016/j.lfs.2025.123887>
- [5] Aubin, F. (2011) What's New in Dermatological Research? *Annales de Dermatologie et de Vénéréologie*, **138**, S233-S240. [https://doi.org/10.1016/S0151-9638\(11\)70096-5](https://doi.org/10.1016/S0151-9638(11)70096-5)
- [6] Ho, B.S., Ho, E.X.P., Chu, C.W., Ramasamy, S., Bigliardi-Qi, M., de Sessions, P.F., et al. (2019) Microbiome in the Hair Follicle of Androgenetic Alopecia Patients. *PLOS ONE*, **14**, e0216330. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0216330>
- [7] Filaire, E., Dreux, A., Boutot, C., Ranouille, E. and Berthon, J.Y. (2020) Characteristics of Healthy and Androgenetic

- Alopecia Scalp Microbiome: Effect of *Lindera strychnifolia* Roots Extract as a Natural Solution for Its Modulation. *International Journal of Cosmetic Science*, **42**, 615-621. <https://doi.org/10.1111/ics.12657>
- [8] Suzuki, K., Inoue, M., Cho, O., Mizutani, R., Shimizu, Y., Nagahama, T., *et al.* (2021) Scalp Microbiome and Sebum Composition in Japanese Male Individuals with and without Androgenetic Alopecia. *Microorganisms*, **9**, Article 2132. <https://doi.org/10.3390/microorganisms9102132>
- [9] Zhang, L., Hu, Y., Xie, B., Zhang, B., Wei, D., Zhang, H., *et al.* (2024) Ultraviolet-Induced Red Fluorescence in Androgenetic Alopecia—Indicating Alterations in Microbial Composition. *Skin Research and Technology*, **30**, e13777. <https://doi.org/10.1111/srt.13777>
- [10] Gupta, A.K., Teasell, E.M., Liddy, A. and Economopoulos, V. (2026) Scalp Microbiome Alterations in Androgenetic Alopecia: Patterns and Emerging Mechanistic Insights. *International Journal of Dermatology*, 1-10. <https://doi.org/10.1111/ijd.70365>
- [11] 汤顺利, 方红. 雄激素性秃发的发病机制[J]. 中华皮肤科杂志, 2019, 52(3): 208-210.
- [12] 王超凡, 毕凌波, 林雪雯, 等. 雄激素性秃发相关遗传易感基因的全基因组关联研究进展[J]. 临床皮肤科杂志, 2022, 51(11): 687-690.
- [13] 王一州, 王翔宇, 贾筱琴, 等. 毛囊皮脂腺稳态异常在雄激素性秃发中的研究进展[J]. 临床皮肤科杂志, 2025, 54(11): 692-695.
- [14] Wang, X., Long, H., Chen, M., Zhou, Z., Wu, Q., Xu, S., *et al.* (2022) Modified Baihu Decoction Therapeutically Remodels Gut Microbiota to Inhibit Acute Gouty Arthritis. *Frontiers in Physiology*, **13**, Article ID: 1023453. <https://doi.org/10.3389/fphys.2022.1023453>
- [15] Abdillah, A., Ravaux, I., Mokhtari, S. and Ranque, S. (2024) *Malassezia* Yeast Population Dynamics on the Skin of Patients Living with HIV. *Medical Mycology*, **63**, myae120. <https://doi.org/10.1093/mmy/myae120>
- [16] Deoghare, S. and Sadick, N.S. (2023) Combination Therapy in Female Pattern Hair Loss. *Journal of Cosmetic and Laser Therapy*, **25**, 1-6. <https://doi.org/10.1080/14764172.2023.2222942>
- [17] Medleau, L. and Chalmers, S.A. (1992) Resolution of Generalized Dermatophytosis without Treatment in Dogs. *Journal of the American Veterinary Medical Association*, **201**, 1891-1892. <https://doi.org/10.2460/javma.1992.201.12.1891>
- [18] Resh, W. and Stoughton, R.B. (1976) Topically Applied Antibiotics in Acne Vulgaris: Clinical Response and Suppression of *Corynebacterium Acnes* in Open Comedones. *Archives of Dermatology*, **112**, 182-184. <https://doi.org/10.1001/archderm.1976.01630260010003>
- [19] Singh, V., Hussain, M.S., Das, J., Chellappan, D.K., Chaudhary, P., Sridhar, S.B., *et al.* (2026) Targeting the Gut Microbiota with Pro- and Postbiotics: Emerging Strategies against Alopecia. *Probiotics and Antimicrobial Proteins*, 1-27. <https://doi.org/10.1007/s12602-026-10918-x>