



# Prevalencia de la microbiota vaginal y endocervical detectada por QPCR en mujeres que acuden a una clínica de ginecología y reproducción asistida

## Prevalence of vaginal and endocervical microbiota, as detected by QPCR, in women attending a gynaecology and assisted reproduction clinic.

Libia Esmeralda Muñoz Rosario, Irving Noé Marcial Román, Adán Oliveros Ceballos

### Resumen

**OBJETIVO:** Determinar la prevalencia de microbiota vaginal en pacientes atendidas en una clínica de ginecología y técnicas de reproducción asistida.

**MATERIALES Y MÉTODOS:** Estudio transversal y prospectivo efectuado en pacientes que ingresaron entre el 1 de agosto del 2022 y el 31 de enero del 2023 a una clínica de ginecología y reproducción asistida. *Criterios de inclusión:* pacientes entre 20 y 50 años. *Parámetros de estudio:* análisis molecular de la microbiota vaginal y endocervical y detección de la microbiota por medio de qPCR con el termociclador CFX96 de Bio Rad. Para obtener la prevalencia de los microorganismos se practicó un análisis univariado basado en la prueba de  $\chi^2$  de Pearson y tablas cruzadas para conseguir la asociación de los patógenos más prevalentes. Para analizar el efecto de cada parámetro se consideró estadísticamente significativo un valor de  $p < 0.05$ .

**RESULTADOS:** Se estudiaron 97 pacientes. Los microorganismos más prevalentes fueron: *Gardnerella vaginalis* en el 89.7% de las muestras, seguido de *Atopobium vaginae* en el 77% y *Candida* spp en el 63%. *Trichomonas vaginalis* fue la menos común, detectada en solo 1% de las muestras. El IMC tuvo una asociación significativa con la obesidad y prevalencia de *Gardnerella vaginalis* y *Candida* spp.

**CONCLUSIONES:** El estudio proporciona información de la prevalencia y las asociaciones de varios patógenos en la microbiota vaginal y endocervical en diferentes grupos de edad, categorías de IMC y asociaciones con otros patógenos analizados.

**PALABRAS CLAVE:** Microbiota vaginal; Gardnerella vaginalis; Trichomonas vaginalis; Candida; ginecología; prevalencia; IMC; infertilidad.

### Abstract

**OBJECTIVE:** To determine the prevalence of vaginal microbiota in patients treated at a gynecology and assisted reproduction clinic.

**METHODS AND MATERIALS:** This cross-sectional, prospective study was conducted with patients admitted to a gynecology and assisted reproduction clinic between August 1, 2022, and January 31, 2023. *Inclusion criteria:* patients between 20 and 50 years of age. The study included molecular analysis of vaginal and endocervical microbiota and detection of microbiota using qPCR with the Bio-Rad CFX96 thermocycler. To determine the prevalence of microorganisms, a univariate analysis based on Pearson's chi-square test and cross-tabulation tables was performed to identify the most prevalent pathogens and their associations. A p-value  $< 0.05$  was considered statistically significant for analyzing the effect of each parameter.

Departamento de Genética y Biología Molecular, Instituto de Reproducción y Ginecología de Acapulco, Guerrero.

### Correspondencia

Libia Esmeralda Muñoz Rosario  
munoz11r@hotmail.com

### Este artículo debe citarse como:

Muñoz-Rosario LE, Marcial-Román IN, Oliveros-Ceballos A. Prevalencia de la microbiota vaginal y endocervical detectada por QPCR en mujeres que acuden a una clínica de Ginecología y Reproducción asistida. Reproducción (México) 2025; 16: 1-10.

**RESULTS:** A total of 97 patients were studied. The most prevalent microorganisms were: *Gardnerella vaginalis* (89.7%), followed by *Atopobium vaginae* (77%) and *Candida* spp. (63%). *Trichomonas vaginalis* was the least common microorganism, detected in only 1% of samples. BMI was significantly associated with obesity and the prevalence of *G. vaginalis* and *C. albicans*.

**CONCLUSIONS:** This study provides information on the prevalence and associations of various pathogens in vaginal and endocervical microbiota across different age groups and BMI categories. It also examines associations with other analyzed pathogens.

**KEYWORDS:** Vaginal microbiota; *Gardnerella vaginalis*; *Trichomonas vaginalis*; *Candida*; Gynecology; Prevalence; BMI; Infertility.

## ANTECEDENTES

La infertilidad es un problema de salud mundial que afecta a personas en edad reproductiva. La OMS estima que alrededor de 186 millones de personas en el mundo padecen infertilidad. Un 17.5% de los adultos la padecen; es decir, que 1 de cada 6 tiene problemas para concebir. La infertilidad es un padecimiento asintomático que se diagnostica cuando no se ha podido tener un hijo vivo después de mantener relaciones sexuales sin protección, y de manera regular, por lo menos durante un año.<sup>1</sup>

En México se diagnostican al año más de 2000 casos nuevos de infertilidad. El INEGI indica que en el 2005 había 34 millones de individuos en edad reproductiva. Según el mismo Instituto existen más de 1.5 millones de parejas que padecen infertilidad.<sup>2</sup>

Las técnicas de reproducción asistida son la principal opción para las parejas con problemas de infertilidad. Ésta puede ser de causa multifactorial: edad, comorbilidades, calidad del ovocito, factor masculino, enfermedades autoinmunitarias, genéticas y de transmisión sexual. De estas últimas *Chlamydia* ha demostrado tener efectos

directos en la vaginitis y salpingitis aguda cuando asciende desde el aparato reproductor inferior al superior en mujeres jóvenes.<sup>3,9</sup> Cada día, más de un millón de personas contraen una infección de transmisión sexual. La OMS estima que, en 2020, hubo 374 millones de nuevas infecciones de alguna de estas cuatro enfermedades: clamidiasis 129 millones, gonorrea 82 millones, sífilis 7.1 millones y tricomoniasis 156 millones. Se estima que la cantidad de personas con herpes genital superó los 490 millones en 2016.<sup>4,10</sup>

En México, de acuerdo con el *Boletín Epidemiológico Nacional*, las cifras de las enfermedades de transmisión sexual más comunes en mujeres (2021-2023) han sido: sífilis adquirida 7135 casos, linfogranuloma venéreo por clamidia 169 casos, chancro blando 329, herpes genital 4533 casos, vulvovaginitis 505,885 casos, candidiasis urogenital 108,632 casos y tricomoniasis urogenital 20,396 casos.<sup>5</sup>

Hay diferencia entre microbiota y microbioma. La primera se refiere a una comunidad de microorganismos en un ambiente particular, incluidos: virus, hongos, bacterias, protozoos, levaduras y arqueas. Microbioma describe una comunidad de microorganismos y su función



en un ambiente dado, teniendo en cuenta las condiciones ambientales, su genética y su interacción mutua.<sup>6,7</sup>

La microbiota del sistema reproductor femenino varía en su composición anatómica: en la parte superior e inferior los microorganismos son diferentes por influencia de factores fisiológicos, hábitos, ciclo menstrual, edad, raza, higiene, actividad sexual y medicamentos, entre otros.<sup>6,11,15</sup>

En estudios de secuenciación de nueva generación se describe que en mujeres sanas el predominio de *Lactobacillus* en la microbiota vaginal mantiene un equilibrio en el ambiente vaginal que da origen a ciertos compuestos bioactivos, como el ácido láctico, que mantiene un pH bajo, dependientes de la carga hormonal que evitan el crecimiento de microorganismos no benéficos. El aumento de microorganismos anaerobios, como *Gardnerella vaginalis*, *Mobiluncus mulieris*, *Atopobium vaginae* y *Candida* spp se han relacionado con afectaciones a la salud reproductiva: disbiosis, vaginosis bacteriana, candidiasis vulvovaginal que pueden aumentar el riesgo de adquirir otras infecciones de transmisión sexual, como *Chlamydia* que suelen ser asintomáticas.<sup>7,8,10,13,15</sup> Esas infecciones, a su vez, activan el sistema inmunológico que puede contribuir a una inflamación constante y resultar en enfermedad inflamatoria pélvica y endometriosis. En las técnicas de reproducción asistida, la disbiosis del endometrio se ha relacionado con fallas en la implantación, infertilidad y aborto espontáneo.<sup>7,8,10,12,14,16</sup>

En la actualidad, en las clínicas de ginecología y reproducción asistida se desconoce la verdadera prevalencia de la microbiota en mujeres que acuden por problemas reproductivos, a pesar de su conocida influencia en la infertilidad femenina. Por lo anterior, el objetivo del estudio fue: estimar la prevalencia de la microbiota vaginal en pacientes que ingresan a una clínica de ginecología y de técnicas de reproducción asistida.

## MATERIALES Y MÉTODOS

Estudio transversal y prospectivo, por conveniencia, efectuado en el Departamento de Genética y Biología Molecular del Instituto de Reproducción y Ginecología de Acapulco, Guerrero, del 1 de agosto del 2022 al 31 de enero del 2023 en pacientes de 20 a 50 años que ingresaron a una clínica de ginecología y reproducción asistida. *Criterios de inclusión:* pacientes con sospecha de vaginosis bacteriana o alguna enfermedad de transmisión sexual, con flujo abundante, color verde o amarillo, con aparente leucorrea, lesiones visibles o sangrado en el cuello uterino. Estos signos o síntomas se tomaron en cuenta antes de recibir el diagnóstico de infertilidad primaria o secundaria o de algún trastorno reproductivo. *Criterios de exclusión:* pacientes en tratamiento, previo a un mes, con antibióticos orales o medicamentos vaginales o embarazadas.

La toma de muestras se hizo de la cavidad vaginal y endocervical, con un cepillo *citobrush* para recolección. La muestra se colocó en tubos *ependorf* de 1.5 mL con medio PBS. Previamente se les indicó a las pacientes que acudieran sin estar menstruando, con un mínimo de tres días sin duchas vaginales y de abstinencia sexual.

Para la extracción y purificación del ADN se utilizó el equipo de extracción MagMAX™ DNA Multi-Sample Ultra Kit Applied Biosystems (Thermo Fisher) con apego a las recomendaciones del fabricante. Se preparó un PKMix con proteinasa K y *buffer* PK, con los cálculos correspondientes, que se agregó a las muestras. Éstas se agitaron por vortex durante 5 minutos y se incubaron a 65 °C durante 15 minutos. Los tubos se centrifugaron durante 1 a 2 minutos a 1500 × g. Posteriormente a cada muestra se les agregaron 125 mL de ADN Lysis buffer.

Para la purificación se utilizaron las DNA Binding Beads de Applied Biosystems by Thermo Fisher scientific y RNase A mezcladas con agua

libre de nucleasa para tener un Mix, que en cada muestra se distribuyó la cantidad correspondiente. Los tubos con este Mix se colocaron en un magneto durante un minuto en cada lavado y se hicieron tres lavados con Whas solution 1 y 2 de kit de MagMAX™ DNA Multi-Sample Ultra Kit Applied Biosystems (Thermo Fisher). Posteriormente se efectuó la elución de ADN con un buffer de elución (Buffer 1 y 2) del mismo equipo.

### Amplificación de ADN

Para la amplificación y detección de los microorganismos se utilizó el termociclador CFX96 de Bio Rad, por medio de qPCR y con el programa del mismo equipo. Como control interno se empleó RNase P con las secuencias (ProbeSeq: TTCTGACCTGAAGGCTCTGCGCG, ForSeq: AGATTTGGACCTGCGAGCG, RevSeq: GAGCGGCTGTCTCCACAAGT) y como control negativo un NTC (Not Template control). Los patógenos detectados: *Trichomonas vaginalis* (Pr04646256\_s1), *Gardnerella vaginalis* (APT2CTE), *Chlamydia trachomatis* (Ba04646249\_s1), *Neisseria gonorrhoeae* (Ba04646252\_s1), HSV1 (Vi04230116\_s1), HSV2 (Vi044646232\_s1), *Treponema pallidum* (Ba04646273\_s1), *Haemophilus ducreyi* (Ba04646228\_s1), *Mycoplasma genitalium* (Ba04646251\_s1), *M. hominis* (Ba04646255\_s1), *Atopobium vaginae* (Ba04646222\_s1), *Mobiluncus* spp (APZTFXH), *Ureaplasma urealyticum* (Ba04646254\_s1), *U. parvum* (AP2W74U), y un grupo con *Candida* spp (*Candida albicans* [Fn0464233\_s1], *C. glabrata* [Fn0464240\_s1], *C. crusei* [Fn0464250\_s1], *C. tropicalis* [Fn0464220\_s1]), cada uno con sondas marcadas con los fluoróforos FAM y VIC. La reacción se practicó según las recomendaciones del fabricante utilizando el Master Mix de 4x Taq-Path™ 1-Step Multiplex Master Mix (No ROX) de Applied Biosystems. El primer paso del protocolo de reacción en el termociclador fue la activación a una temperatura de 95 °C durante 10 minutos 1 ciclo. El segundo paso: la desnaturalización a 95 °C durante 15 segundos. El tercer paso: la alineación y

extensión a una temperatura de 60 °C durante 60 segundos a 40 ciclos. El cuarto paso: interpretación de las gráficas de los microorganismos amplificados.

Para evaluar la prevalencia de los patógenos estudiados se hizo un análisis univariado con comparaciones por pares entre pares de proporciones con corrección para pruebas múltiples (con base en la prueba de  $\chi^2$  de Pearson) que se agruparon según la edad (menos de 30 años, 31 a 35 y más de 35 años). El IMC se clasificó en menor de 18.5 = a bajo peso, 18.5 a 24.9 = peso normal, 25 a 29.9 = sobrepeso o mayor de 30 = obeso. Para conocer la asociación del patógeno más prevalente con el resto de los menos frecuentes se elaboraron tablas cruzadas. De nuevo se calculó la  $\chi^2$  para la significación. Una p menor de 0.05 se consideró estadísticamente significativa para analizar el efecto de cada parámetro. El análisis estadístico se procesó en el programa IBM® SPSS® Statistics versión 26.

### RESULTADOS

Se analizaron 97 muestras para estudio de la microbiota vaginal y endocervical. La más frecuente fue *Gardnerella vaginalis* (89.7%; 87 de 97), seguida de *A. vaginae* (77%; 75 de 97) y *Candida* spp en (63%; 61 de 97). *Trichomonas vaginalis* solo se encontró en una paciente. Llama la atención que no se detectaron *Neisseria gonorrhoeae*, *Treponema pallidum*, *Haemophilus ducreyi*, HSV1 ni *Mycoplasma genitalium*. **Cuadro 1 y Figura 1**

En cambio, al analizar a los grupos por IMC sí se encontró diferencia significativa según la prevalencia de *Gardnerella vaginalis* en el grupo de mujeres con obesidad ( $p = 0.025$ ), al igual que *Candida* spp ( $p = 0.049$ ); es decir, hubo mayor detección de estos patógenos en pacientes obesas. **Cuadro 3**

La asociación de *Gardnerella vaginalis* con los patógenos más frecuentes resultó no significativa

**Cuadro 1.** Detección de la microbiota vaginal y endocervical

Microorganismo	Frecuencia total		
	Porcentaje	Detectado	No detectado
<i>Candida (albicans, glabrata, krusei, tropicalis)</i>	Recuento	61	36
	%	63%	37.1%
<i>Trichomonas vaginalis</i>	Recuento	1	96
	%	1.0%	99.0%
<i>Gardnerella vaginalis</i>	Recuento	87	10
	%	89.70%	10.3
<i>Chlamydia trachomatis</i>	Recuento	3	94
	%	3%	96.90%
HSV2	Recuento	3	94
	%	3%	97%
<i>Mycoplasma hominis</i>	Recuento	27	70
	%	28%	0.7
<i>Atopobium vaginae</i>	Recuento	75	22
	%	77%	22.70%
<i>Mobiluncus spp</i>	Recuento	53	44
	%	55%	45.40%
<i>Ureaplasma urealyticum</i>	Recuento	54	43
	%	55.70%	44.30%
<i>Ureaplasma parvum</i>	Recuento	21	76
	%	21.60%	78.40%

con *Trichomonas vaginalis*, *Chlamydia trachomatis*, HSV2, *Mycoplasma hominis*, *Ureaplasma urealyticum*, *Ureaplasma parvum* y *Candida spp*, pero sí significativa con *A vaginae* ( $p = 0.000$ ) (**Cuadro 4**) y *Mobiluncus spp* ( $p = 0.003$ ).

#### Cuadro 5

### DISCUSIÓN

En este estudio la microbiota vaginal se detectó mediante PCR en tiempo real en muestras de la cavidad vaginal y endocervical de pacientes de la consulta externa con antecedentes de vaginosis bacteriana. Esta vaginosis se asocia con desenlaces adversos para la salud reproductiva. Está ampliamente reportado que *G. vaginalis* puede encontrarse en el 98 al 100% de pacientes con vaginosis bacteriana y hasta en un 55% de

las libres de esta infección, similar al porcentaje aquí obtenido del 89.7%.<sup>17,18</sup>

Está descrito que el aumento de *Gardnerella vaginalis* en el aparato reproductor origina condiciones favorables para el desarrollo de otros microorganismos: *Atopobium vaginae* que, en conjunto con *G. vaginalis* constituyen una biopeícula epitelial vaginal que facilita la adherencia de otras especies bacterianas.<sup>19</sup> En estudios de virulencia de *G. vaginalis* con la vaginosis bacteriana y no bacteriana, ésta disminuye la cepa de *L. crispatus* de las células HeLa y causa cambios citotóxicos en la morfología celular de los aislamientos de pacientes con vaginosis bacteriana.<sup>25</sup> Al igual que en este estudio, se demostró una asociación significativa de este patógeno junto con *G. vaginalis* que tienen un

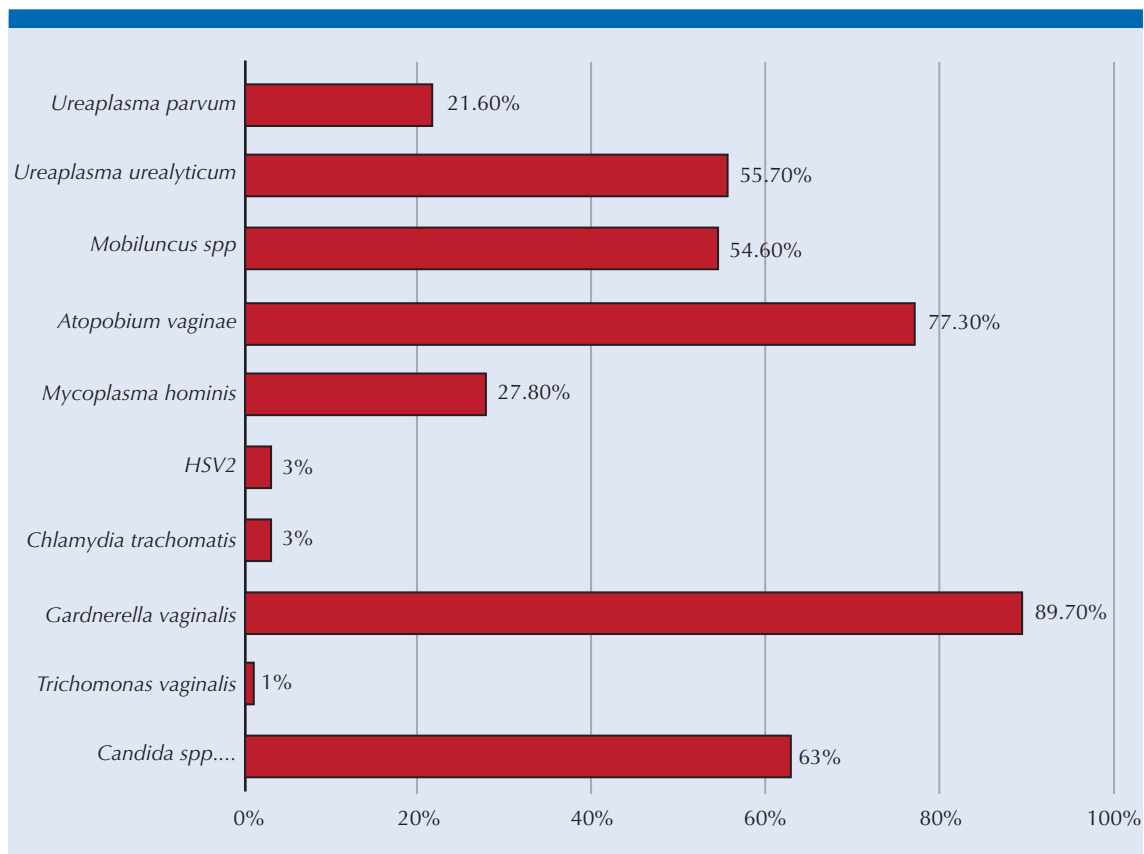


Figura 1. Prevalencia total de la microbiota vaginal y endocervical.

papel relevante en la causa de la vaginosis bacteriana. En otro tipo de estudio podría hacerse la cuantificación de este microorganismo para tener un análisis más completo y saber cuál es la concentración normal en pacientes con y sin vaginosis bacteriana, agregando los criterios de Amsel y la puntuación Nugent para tener un diagnóstico más completo.<sup>27</sup>

Otro dato analizado en este estudio fue la edad, en la que no se encontró significación estadística en relación con la frecuencia de microorganismos coexistentes en la microbiota vaginal y endocervical o con alguna enfermedad de transmisión sexual. En otro estudio similar de Casillas-Vega N, llevado a cabo en una clínica

de ginecología y obstetricia de Jalisco, en relación con la edad, no se encontró significación estadística en los diferentes grupos de edad. En cambio, sí hubo mayor detección de *N. gonorrhoeae* (2.11%) en pacientes más o menos mayores de 40 años en comparación con las de 20 a 29 años.<sup>26</sup> Por lo tanto, en este estudio se necesitaría analizar a una población mayor para la detección de este patógeno en el grupo de edades reportado.<sup>26</sup> En el mismo estudio se analizó una población de 662 pacientes en quienes se detectaron, por PCR: *T. pallidum* (1.05%), *M. genitalium* (2.41%), *T. vaginalis* (14.2%), virus del herpes simple tipo 1 (HSV-1) (8.5%) y virus del herpes simple tipo 2 (HSV-2) (1.8%).<sup>26</sup> En comparación con el estudio aquí publicado solo



Cuadro 2. Prevalencia de la microbiota por grupo de edades

Microorganismo	Porcentaje	Grupo por edad femenin			A P
		<30 Años	31 - 35 Años	>35 Años	
<i>Candida (albicans, glabrata, krusei, tropicalis)</i>	Recuento	13	20	21	0.230
	%	76.5%	62.5%	52.5%	
<i>Trichomonas vaginalis</i>	Recuento	0	0	1	0.538
	%	0.0%	0.0%	2.5%	
<i>Gardnerella vaginalis</i>	Recuento	15	29	35	0.914
	%	88.20%	90.60%	87.50%	
<i>Chlamydia trachomatis</i>	Recuento	0	3	0	0.063
	%	0.00%	9.40%	0.00%	
HSV2	Recuento	2	0	1	0.087
	%	11.8%	0.00%	2.5%	
<i>Mycoplasma hominis</i>	Recuento	5	12	9	0.380
	%	29.4%	37.5%	22.5%	
<i>Atopobium vaginae</i>	Recuento	13	25	30	0.953
	%	76.5%	78.1%	75.0%	
<i>Mobiluncus spp</i>	Recuento	8	20	19	0.390
	%	47.1%	62.5%	47.5%	
<i>Ureaplasma urealyticum</i>	Recuento	10	18	21	0.895
	%	58.8%	56.3%	52.5%	
<i>Ureaplasma parvum</i>	Recuento	5	3	13	0.059
	%	29.4%	9.4%	32.5%	

se detectaron HSV-2 en un 3%, *T. vaginalis* en el 1%. En un estudio de Chemaitelly H efectuado en mujeres libanesas se detectaron 0.6% para HSV-2 y 2.8% para *C. trachomatis*.<sup>29</sup>

*Candida spp* es uno de los patógenos más frecuentes (63%), causante de las infecciones vaginales más comunes en mujeres de todas las edades, se encuentra en la mayoría de pacientes con vulvovaginitis. El aislamiento de *Candida spp* se estima en 25 a 50%, cercano al obtenido en la población aquí estudiada.<sup>20,21</sup> La prevalencia de este patógeno se ha reportado en pocas investigaciones en mujeres con obesidad y vulvovaginitis; sin embargo, en este estudio se obtuvo la relación de este microorganismo y un índice de masa corporal aumentado al igual que *G. vaginalis*

de la que no hay estudios relacionados de acuerdo con su elevada coexistencia en este padecimiento.

Con base en los resultados de un centro privado de reproducción asistida, en una muestra de hombres y mujeres con infertilidad, se demostró una alta prevalencia de estos patógenos en las parejas: en mujeres de 35 a 40 años *Ureaplasma urealyticum* (52.9%) y *Mycoplasma hominis* (15.1%). Al comparar esos porcentajes con los aquí reportados de 55.70% y 28% respectivamente, se advierte la semejanza.<sup>22</sup>

*Mobiluncus spp* también fue un microorganismo encontrado en 55% de las pacientes de este centro y que se considera, también, causante de vaginosis bacteriana.

**Cuadro 3.** Prevalencia de la microbiota por grupo de IMC

Microorganismo	Porcentaje	Insuficiente	Normal	Sobrepeso	Obesidad	P
<i>Candida (albicans, glabrata, krusei, tropicalis)</i>	Recuento	3	19	16	8	0.049
	%	30.0%	73.1%	53.3%	80.0%	
<i>Trichomonas vaginalis</i>	Recuento	1	0	0	0	0.083
	%	10.0%	0.0%	0.0%	0.0%	
<i>Gardnerella vaginalis</i>	Recuento	7	20	30	9	0.025
	%	70.0%	76.9%	100.0%	90.0%	
<i>chlamydia trachomatis</i>	Recuento	0	1	1	1	0.704
	%	0.0%	3.8%	3.3%	10.0%	
HSV2	Recuento	0	1	0	2	0.038
	%	0.0%	3.8%	0.0%	20.0%	
<i>Mycoplasma hominis</i>	Recuento	5	5	9	4	0.284
	%	50.0%	19.2%	30.0%	40.0%	
<i>Atopobium vaginae</i>	Recuento	7	18	22	9	0.635
	%	70.0%	69.2%	73.3%	90.0%	
<i>Mobiluncus spp</i>	Recuento	3	10	20	5	0.097
	%	30.0%	38.5%	66.7%	50.0%	
<i>Ureaplasma urealyticum</i>	Recuento	5	17	14	8	0.220
	%	50.0%	65.4%	46.7%	80.0%	
<i>Ureaplasma parvum</i>	Recuento	2	6	8	2	0.959
	%	20.0%	23.1%	26.7%	20.0%	

**Cuadro 4.** Relación de patógenos *G. Vaginalis* y *A. vaginae*

Patógeno	Recuento	<i>Atopobium vaginae</i>		Total	P
		Detectado	No detectado		
Recuento		73	14	87	0.000*
Detectado	% dentro de <i>Gardnerella A. vaginae</i>	97.3%	63.6%	89.7%	
<i>vaginalis</i>	Recuento	2	8	10	
No detectado	% dentro de <i>A. vaginae</i>	2.7%	36.4%	10.3%	

En un estudio de prevalencia se encontró *Mobiluncus spp* en un 38.6% (n = 163) de pacientes con vaginosis bacteriana. De ese ensayo también se obtuvo una asociación con *G. vaginalis*,<sup>28</sup> al igual que en el estudio aquí reportado en donde se obtuvo un resultado significativo de la asociación simbiótica de estos patógenos y la importancia clínica que pueden tener, sobre todo, en la vagi-

nosis bacteriana. Sin embargo, no se identificó la especie específica de este patógeno, pero se ha estudiado más a esta especie *M. mulieris*, que tiene una participación inmunometabólica relevante en la disbiosis vaginal, que induce una citotoxicidad significativa en las células cervicales al elevar, de manera muy importante: las interleucinas: IL-6, IL-8, MCP-1 y el TNF $\alpha$ .<sup>23</sup>



**Cuadro 5.** Relación de patógenos *G. vaginalis* y *Mobiluncus spp*

Patógeno	<i>Mobiluncus spp</i>			Total	P
	Recuento	Detectado	No detectado		
Recuento		52	35	87	
Detectado	% dentro de <i>Mobiluncus Gardnerella spp</i>	98.1%	79.5%	89.7%	0.003
<i>vaginalis</i>	Recuento	1	9	10	
No detectado	% dentro de <i>Mobiluncus spp</i>	1.9%	20.5%	10.3%	

Con respecto a *Ureaplasma parvum* hacen falta estudios que refieran factores asociados con su colonización y prevalencia.

Este estudio fue aprobado por la junta de revisión del comité de ética del Instituto de Reproducción y Ginecología de Acapulco, con número de registro (COBIOETICA12CHB00720150205). A todas las pacientes se les otorgó un consentimiento informado acerca de las técnicas que se practican en el laboratorio de biología molecular y toma de muestras ginecológicas necesarias. En tanto no se recibió financiamiento externo no hay conflicto de intereses.

## CONCLUSIÓN

*Gardnerella vaginalis*, *Atopobium vaginae* y *Candida sp* fueron los microorganismos de mayor prevalencia que pueden dar lugar a asociaciones simbióticas y provocar enfermedades más graves con repercusión en la fertilidad. En los protocolos de diagnóstico ginecológico destaca la importancia de continuar estudiando la composición de la microbiota vaginal que permita un diagnóstico oportuno y prevenir las complicaciones que dificulten el embarazo.

## REFERENCIAS

- World Health Organization: WHO (2019). Infertilidad. [www.who.int. https://www.who.int/es/health-topics/infertility#tab=tab\\_2](https://www.who.int/es/health-topics/infertility#tab=tab_2).

- Gaceta Parlamentaria. (s. f.). [https://www.senado.gob.mx/65/gaceta\\_comision\\_permanente/documento/35481](https://www.senado.gob.mx/65/gaceta_comision_permanente/documento/35481).
- Brugo-Olmedo S, Chillik CF., Kopelman S. Definición y causas de la infertilidad. *Revista Colombiana de Obstetricia y Ginecología* 2003; 54 (4): 227-248. <https://doi.org/10.18597/rcog.567>.
- World Health Organization: WHO. (2022) Infecciones de transmisión sexual. [www.who.int. https://www.who.int/es/news-room/fact-sheets/detail/sexuallytransmitted-infections-\(stis\)](https://www.who.int/es/news-room/fact-sheets/detail/sexuallytransmitted-infections-(stis)).
- De Salud, S. (s. f.b) Boletín Epidemiológico Sistema Nacional de Vigilancia Epidemiológica Sistema Único de Información. [https://www.gob.mx/salud/documentos/boletinepidemiologico-sistemanacional-de-vigilancia-epidemiologica-sistema-unico-de-informacion-261547\\_](https://www.gob.mx/salud/documentos/boletinepidemiologico-sistemanacional-de-vigilancia-epidemiologica-sistema-unico-de-informacion-261547_)
- Castro MT, Villaverde L. Microbiota del tracto genital femenino. *Revista Iberoamericana de Fertilidad y Reproducción humana* 2020; 37 (2). <https://medes.com/publication/159093>.
- Günther V, Allahqoli L, Watrowski R, et al. Vaginal Microbiome in Reproductive Medicine. *Diagnostics* 2022; 12 (8): 1948. <https://doi.org/10.3390/diagnostics12081948>
- Ceccarani C, Foschi C, Parolin C, D'Antuono A, et al. Diversity of vaginal microbiome and metabolome during genital infections. *Scientific Reports* 2019; 9 (1). <https://doi.org/10.1038/s41598-019-50410-x>
- Rodríguez-Purata, J. (2022, 14 abril). El microbioma del tracto reproductivo: una revisión narrativa de la literatura. *Revista Iberoamericana de Fertilidad y Rproducción Humana* 2022; 39 (1). <https://www.revistafertilidad.com/index.php/rif/article/view/61>
- Chiu S, Huang PJ, Cheng W, Huang C, et al. Vaginal microbiota of the sexually transmitted infections caused by *Chlamydia trachomatis* and *Trichomonas vaginalis* in women with Vaginitis in Taiwan. *Microorganisms* 2021; 9 (9): 1864. <https://doi.org/10.3390/microorganisms9091864>
- Chen C, Song X, Wei W, Zhong H, et al. The microbiota continuum along the female reproductive tract and its relation to uterine-related diseases. *Nature Communications* 2017; 8 (1). <https://doi.org/10.1038/s41467-017-00901-0>
- Salliss ME, Farland LV, Mahnert N, Herbst-Kralovetz MM. The role of gut and genital microbiota and the estrobolome

- in endometriosis, infertility and chronic pelvic pain. *Human Reproduction Update* 2021; 28 (1): 92-131. <https://doi.org/10.1093/humupd/dmab035>
13. Chen H, Wang L, Zhao L, Luo L, et al. Alterations of Vaginal Microbiota in Women with Infertility and Chlamydia trachomatis Infection. *Front Cell Infect Microbiol* 2021; 11. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2021.698840>
  14. Keburiya L, Smolnikova V, Pripitnevich TV, Muravieva V, et al. Does the uterine microbiota affect the reproductive outcomes in women with recurrent implantation failures? *BMC Women's Health* 2022; 22 (1). <https://doi.org/10.1186/s12905-022-01750-w>
  15. Riganelli L, Lebba V, Piccioni MG, Illuminati I, et al. Structural Variations of Vaginal and Endometrial Microbiota: Hints on Female Infertility. *Front Cell Infect Microbiol* 2020; 10. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2020.00350>
  16. Bednarska-Czerwińska A, Czerwiński M, Morawiec E, Łach A, et al. Marking the profile of the microflora of the endometrium and uterine cervix in women as a potential factor determining the effectiveness of in vitro fertilization. *J Clinical Medicine* 2022; 11 (12): 3348. <https://doi.org/10.3390/jcm11123348>
  17. Redelinguys MJ, Geldenhuys J, Jung H, Kock MM. Bacterial Vaginosis: Current Diagnostic Avenues and Future Opportunities. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology* 2020; 10. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2020.00354>
  18. Coleman JS, Gaydos CA. Molecular diagnosis of bacterial vaginosis: an Update. *J Clin Microbiol* 2028; 56(9). <https://doi.org/10.1128/jcm.00342-18>
  19. Hardy L, Jespers V, Abdellati S, De Baetselier I, et al. A fruitful alliance: the synergy between *Atopobium vaginae* and *Gardnerella vaginalis* in bacterial vaginosis-associated biofilm. *Sex Transm Infect* 2016; 92 (7): 487491. <https://doi.org/10.1136/sextrans-2015-052475>
  20. Pineda-Murillo J, Cortés-Figueroa AA, Del Niño Jesús Uribarren-Berrueta T, et al. Candidosis vaginal: Revisión de la literatura y situación de México y otros países latinoamericanos. *Revista Médica de Risaralda* 2017; 23 (1): 38-44. <https://pesquisa.bvsalud.org/portal/resource/pt/biblio-902070>
  21. Avilés AGP, Zaragoza C, Mendoza RD, Gómez, C. Infecciones cervicovaginales más frecuentes; prevalencia y factores de riesgo. *Revista Cubana de Obstetricia y Ginecología* 2007; 33 (2): 0. [http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci\\_arttext&lng=pt&pid=S0138600X2007000200007](http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci_arttext&lng=pt&pid=S0138600X2007000200007)
  22. Robles-Menchero MJ, Sánchez-Aranda A, Alonso-de Mendieta M, CarballoMondragón E, et al. Prevalencia de *Mycoplasma hominis* y *Ureaplasma urealyticum* en parejas con infertilidad en protocolo para fertilización in vitro. *Ginecol Obstet Mex* 2021; 89 (3): 204-211. <https://doi.org/10.24245/gom.v89i3.4888>
  23. McKenzie R, Maarsingh JD, Łaniewski P, Herbst-Kralovetz MM. Immunometabolic Analysis of *Mobiluncus mulieris* and *Eggerthella* sp. Reveals novel insights into their pathogenic contributions to the hallmarks of bacterial vaginosis. *Front Cell Infect Microbiol* 2021; 11. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2021.759697>
  24. Moreno IM, Simón C. Deciphering the effect of reproductive tract microbiota on human reproduction. *RMB* 2019; 18 (1): 4050. <https://doi.org/10.1002/rmb2.12249>
  25. Castro J, Alves P, Sousa C, Cereija T, et al. Using an in-vitro biofilm model to assess the virulence potential of Bacterial Vaginosis or non-Bacterial Vaginosis *Gardnerella vaginalis* isolates. *Sci Rep* 2015; 5 (1). <https://doi.org/10.1038/srep11640>
  26. Casillas-Vega N, Morfin-Otero R, García S, Llaca-Díaz J, et al. Sexually transmitted pathogens, coinfections and risk factors in patients attending obstetrics and gynecology clinics in Jalisco, Mexico. *Salud Pública de México* 2016; 568 (4). <https://doi.org/10.21149/spm.v58i4.8024>
  27. Muzny CA, Elnaggar JH, Sousa LGV, Lima Â, et al. Microbial interactions among *Gardnerella*, *Prevotella* and *Fannyhesse* aprior to incident bacterial vaginosis: protocol for a prospective, observational study. *BMJ Open* 2024; 14 (2): e083516. <https://doi.org/10.1136/bmjopen-2023-083516>
  28. Cristiano L, Coffetti N, Dalvai G, Lorusso L, et al. Bacterial vaginosis: prevalence in outpatients, association with some micro-organisms and laboratory indices. *Sex Trans Infect* 1989; 65 (6): 382-87. <https://doi.org/10.1136/sti.65.6.382>
  29. Chemaitelly H, Finan RR, Racoubian E, Aimagambetova G, et al. Estimates of the incidence, prevalence, and factors associated with common sexually transmitted infections among Lebanese women. *PLoS One* 2024; 19 (4): e0301231. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0301231>