



Microorganismos frecuentemente hallados en pacientes con vida sexual activa

Sánchez-Hernández José Antonio,* Rivera-Tapia José Antonio,†
Cortés-Domínguez Óscar,* Huerta-Romano José Fernando*

Palabras clave:

Microorganismos,
vida sexual activa,
Gardnerella,
Lactobacillus.

Key words:
Microorganisms,
*active sexual
life*, *Gardnerella*,
Lactobacillus.

* Laboratorio de Biología Celular, Facultad de Medicina de la Benemérita Universidad Autónoma de Puebla (BUAP).

† Centro de Investigaciones en Ciencias Microbiológicas, Instituto de Ciencias de la BUAP.

Correspondencia:
José Antonio
Sánchez Hernández.
Departamento de Biología Celular,
Facultad de Medicina de la Benemérita Universidad Autónoma de Puebla.

13 Sur, Col. Volcán
2702.
72410, Puebla,
México.
E-mail: jart70@
yahoo.com

Recibido:
20/08/2018
Aceptado:
27/09/2018

RESUMEN

La vagina hospeda diferentes especies bacterianas en gran cantidad que son conocidas por su relación directa con el mantenimiento del equilibrio ácido-base y con función protectora. Los microorganismos que frecuentemente son hallados en las pacientes asintomáticas son *Bacteroides*, *Staphylococcus epidermidis*, *Corynebacterium* y especies de micoplasma, entre las más destacadas. Está comprobada la predisposición a alguna infección debido a la alteración de la microbiota, con disminución de especies reguladoras como el bacilo de Doderlein y aumento importante en la concentración de bacterias anaerobias estrictas. El objetivo del presente estudio fue la identificación de los microorganismos más frecuentes en paciente con vida sexual activa. Fueron valoradas 695 pacientes a las que se les realizó citología exfoliativa cervico-vaginal (Papanicolaou) en el Laboratorio del Departamento de Biología Celular de la Facultad de Medicina. El grupo más observado fue flora cocoide, por demás fue sobrepasado el bacilo de Doderlein, el cual pudo ser detectado en casi tres de cada 10 pacientes estudiadas. En 12.5% de la población se encontró de manera decreciente a *Gardnerella vaginalis*, *Toxoplasma gondii*, *Chlamidia trachomatis* y *Trichomonas vaginalis*. *Gardnerella vaginalis* se encontró formando parte de la flora genital, confirmándose la presencia de factores como la falla de los mecanismos locales de defensa para la disbiota. El hallazgo de *Leptothrix actinomyces* es controvertido y no se pudo relacionar con el uso de DIU. Los microorganismos patógenos hallados con sintomatología asociada fueron *Toxoplasma gondii*, *Chlamidia trachomatis* y *Trichomonas vaginalis*, de los cuales *Candida* fue el único asociado a menopausia y a multigestas, el resto a promiscuidad.

ABSTRACT

The vagina hosts different bacterial species in large quantity that are known to be directly related to the maintenance of acid-base balance and protective function. The microorganisms that are frequently found in asymptomatic patients are *Bacteroides*, *Staphylococcus epidermidis*, *Corynebacterium* and *mycoplasma* species, among the most prominent. The predisposition to some infection due to the alteration of the microbiota is proven, with a decrease in regulatory species such as *Doderlein bacillus* and an important increase in the concentration of strict anaerobic bacteria. The objective of the present study was the identification of the most frequent microorganisms in a patient with an active sexual life. A total of 695 patients were evaluated, who underwent cervical-vaginal exfoliative cytology (Papanicolaou) in the Laboratory of the Cellular Biology Department of the Faculty of Medicine. The most observed group was cocoid flora, in addition the *Doderlein bacillus* was surpassed, which could be appreciated in almost 3 of every 10 patients studied. In 12.5% of the population, *Gardnerella vaginalis*, *Toxoplasma gondii*, *Chlamidia trachomatis* and *Trichomonas vaginalis* were found in decreasing manner. *Gardnerella vaginalis* was found to be part of the genital flora, confirming the presence of factors such as the failure of local defense mechanisms for disbiota. The finding of *Leptothrix actinomyces* is controversial and could not be related to the use of IUD. The pathogenic microorganisms found with associated symptoms were *Toxoplasma gondii*, *Chlamidia trachomatis* and *Trichomonas vaginalis* of which *Candida* was the only one associated to menopause and multigesta, the rest to promiscuity.

INTRODUCCIÓN

La gran cantidad de microorganismos asociados al cuerpo humano es aproximadamente 10 veces más numeroso que nuestras propias células, y forma complejas comunidades (microbiota) en simbiosis con su hospedero. La composición y función de éstas

juegan un rol vital en el desarrollo humano, fisiológica, inmuno y nutricionalmente.¹ De los grandes hábitats microbianos humanos, la vagina es importante, ya que hospeda diferentes especies bacterianas en gran cantidad que son conocidas por su relación directa con el mantenimiento del equilibrio ácido-base y con función protectora. La mayoría de ellas,

como las productoras de ácido láctico *Lactobacillus* spp., parecen estar perfectamente adaptadas al ambiente vaginal, así como otras productoras de bacteriocinas y/o peróxido de hidrógeno.² Microorganismos frecuentemente hallados en las pacientes asintomáticas son *Bacteroides*, *Staphylococcus epidermidis*, *Corynebacterium* y especies de micoplasmas, entre las más destacadas. La alteración de la flora bacteriana se inicia con los cambios relacionados a la maduración sexual con el perfeccionamiento del ambiente vaginal y con el inicio de las relaciones sexuales. Está de más mencionar que como piedra angular de la predisposición a alguna infección se considera la alteración de la microbiota, con disminución de especies reguladoras como el bacilo de Doderlein y aumento importante en la concentración de bacterias anaerobias estrictas como: *Gardnerella vaginalis*, *Prevotella* spp., *Mobiluncus* spp., *Ureaplasma urealyticum* y *Mycoplasma hominis*. Siendo la causa más frecuente el aumento de *Gardnerella vaginalis*, principal agente etiológico de vaginosis bacteriana (VB).^{3,4} La asociación de entidades como vaginosis bacteriana y candidiasis es común en pacientes sin vida sexual activa, puesto que no son consideradas infecciones de transmisión sexual y son más aceptadas como disbiotas. Por lo contrario, y con idéntico promedio de edad (17 años), en pacientes con vida sexual activa es más factible encontrar microorganismos patógenos, como *Trichomonas vaginalis*, aun en mujeres asintomáticas.⁵ Según un estudio de una población femenina no embarazadas en edad fértil con edades entre 15 y 44 años, 38.2% reportaron microbiota vaginal grado I (normal), mientras que en el resto prevalecieron organismos como *Gardnerella vaginalis*, *Ureaplasma* spp., *Candida* spp., *Escherichia coli*, *Streptococcus agalactiae*, *Trichomonas vaginalis* y *Mycoplasma hominis* en orden de mayor a menor frecuencia. Los factores de riesgo asociados al hallazgo de estos últimos microorganismos son en orden de importancia: vida sexual activa, inicio de vida sexual temprana, número de parejas sexuales mayor a tres y grupo de edad entre 28 a 41 años. Se entiende que en este grupo de mujeres, la vaginosis bacteriana es la disbiota más común, relacionada frecuentemente a otros microorganismos como *Trichomonas vaginalis*.⁶⁻⁸ Mediante un análisis más estricto con PCR en población holandesa, se constató una diferencia en la microbiota, con cifras aproximadas de la microbiota vaginal en pacientes con diagnóstico de disbiota. Los organismos con mayor presencia en pacientes con vida sexual activa fueron *G. vaginalis* (96%), *A. vaginalae* (87%) y *Megasphaera* (60%). Aunque en pacientes asintomáticas estos mismos organismos fueron observados en 27, 6 y 2%, respecti-

vamente. Sin duda alguna, la microbiota vaginal consiste principalmente en *Lactobacillus* spp., sea en mujeres con vida sexual activa o inactiva, sin tomar en cuenta a pacientes con alteración en el ambiente, ya sea por factores infecciosos o inmunes. Los cambios dramáticos en los tipos y concentraciones de las especies microbianas en la vagina pueden desencadenar un estado de enfermedad. Una cláusula primordial en el Proyecto del Microbioma Humano establece la necesidad de la exploración y estudio de la diversidad bacteriana en la cavidad vaginal en pacientes sanas y enfermas con el fin de entender si los cambios en el microbioma vaginal pueden relacionarse con los cambios en la salud femenina.^{9,10} El objetivo del presente estudio fue la identificación de los microorganismos más frecuentes en pacientes con vida sexual activa.

MATERIAL Y MÉTODOS

Fueron valoradas 695 mujeres que acudieron a realizarse citología exfoliativa cérvico-vaginal (Papanicolaou) al Laboratorio del Departamento de Biología Celular y Molecular de la Facultad de Medicina de la Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, del periodo de Mayo de 2013 a Abril de 2017. También se realizó valoración de pH vaginal y prueba de hidróxido de potasio (KOH). Las muestras fueron teñidas utilizando el tren de tinción de Papanicolaou modificado; posteriormente fueron montadas para su observación bajo microscopio para su análisis. También se documentaron los datos clínicos con el objetivo de comprobar diagnóstico. Se realizaron exploraciones vaginales por técnica de Papanicolaou (citología exfoliativa cérvico vaginal) para determinar la frecuencia de los microorganismos más comunes en pacientes con vida sexual activa, así como para discriminar a pacientes sanas de enfermas con criterios diagnósticos demostrados y análisis citológico realizado por un experto. De igual manera, se evaluó prueba de hidróxido de potasio (Prueba de aminas) y determinación de pH por medio de tiras reactivas, que no se incluyen en la citología exfoliativa cervicovaginal de forma convencional.

RESULTADOS

Fue evidente una mayor incidencia de flora cocoide encontrada en las 695 muestras de la citología exfoliativa cervicovaginal, encontrándose en seis de cada 10 pacientes examinadas; seguido por el bacilo de Doderlein, el cual pudo ser apreciado en casi tres de cada 10 pacientes estudiadas. Aunque probablemente se deba a alteraciones en el pH vaginal, la mayoría de las muestras fueron de

pacientes sanas (*cuadro I*). En orden decreciente los demás agentes encontrados fueron *Gardnerella vaginalis* (*figura 1*), *Leptothrix actinomyces*, *Toxoplasma gondii*, *Chlamydia trachomatis* y porcentualmente similares, *Trichomonas vaginalis* y *Candida spp.* Los microorganismos causales de candidiasis y tricomoniasis fueron los agentes menos frecuentemente encontrados.

DISCUSIÓN

No todos los datos obtenidos en el presente trabajo coinciden con lo reportado en la literatura. Cabe mencionar que las diferencias en los resultados podría deberse a variación en la medición del pH vaginal considerado como normal o fisiológico y los antecedentes gineco-obstétricos

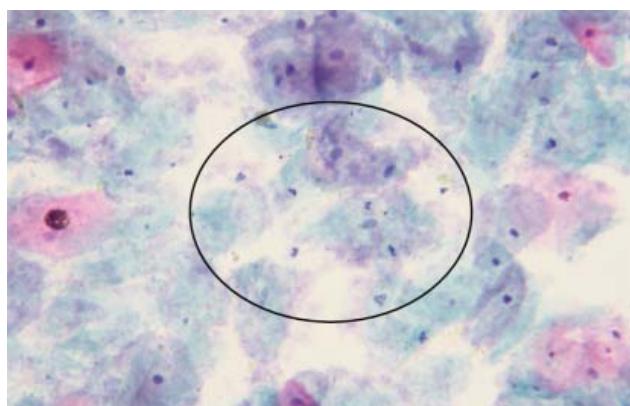


Figura 1. Células clave o células “Clue” (círculo). Muestran contornos irregulares de las células por efectos de *Gardnerella vaginalis* (citólisis), principal agente asociado a otros microorganismos en la presente investigación (microfotografía 40X10).

independientes que pudiesen influir en la alteración del mismo; por ejemplo, el número de gestas, y las variaciones existentes en cada etapa del ciclo ovárico por influencia hormonal, entre otros. Si tomamos en cuenta que el margen de error por parte del personal es mínimo, debemos considerar las variaciones fisiológicas dentro del rango del pH (3.7-4.8) como los principales factores que amplían el margen de un rango asintomático. En la observación de microorganismos o alteraciones citológicas (como células clave o coilocitos), intervendrían factores como calidad de la muestra (incluyendo el proceso de obtención de la muestra) y el equipo utilizado (así como la observación del clínico). Se reportaron bacterias de los grupos cocoideos, bacilos y biota vaginal en conjunto con otros microorganismos como: *G. vaginalis*, *L. actinomyces*, *T. gondii*, *C. trachomatis*, *Candida* y *T. vaginalis*, en general se encontró en 12.5% (flora mixta). El orden de frecuencia de las especies es liderada por la bacteria *Gardnerella vaginalis* que se halló en una de cada diez mujeres de la presente investigación (62 pacientes en total). Lo que coincide con la incidencia baja o nula de *Lactobacillus spp.* a la par del aumento de *G. vaginalis* en esas muestras, el continuo aumento de *G. vaginalis* disminuye en gran proporción el cohábitat con el lactobacilo y de este modo reduce la producción de ácido láctico en la mucosa vaginal.¹⁰⁻¹²

CONCLUSIONES

Se puede distinguir dos tipos de poblaciones en los hallazgos, clase patógena y no patógena, en las cuales se incluyen sólo flora cocoide y *Lactobacillus* en la primera categoría, y el resto de organismos con importancia clínica. El bacilo *G. vaginalis* ha sido considerado por algunos autores como principal responsable del desequilibrio existente en la microbiota vaginal

Cuadro I. Porcentaje de microorganismos reportados en el total de las muestras.

Microorganismo	Pacientes	
	n	%
Flora cocoide	422	60.7
<i>Lactobacillus spp.</i> (B. de Doderlein)	186	26.8
<i>Gardnerella vaginalis</i>	62	8.9
<i>Leptothrix actinomyces</i>	13	1.9
<i>Toxoplasma gondii</i>	5	0.7
<i>Chlamydia trachomatis</i>	3	0.4
<i>Candida spp.</i>	2	0.3
<i>Trichomonas vaginalis</i>	2	0.3

característica de la vaginosis bacteriana; sin embargo, se ha demostrado su presencia natural en la cavidad sin presentar sintomatología en determinadas proporciones. Y sin duda fue el organismo más frecuentemente hallado en la presente investigación. Esto demuestra que en la patogenia de la disbiota intervendrían factores que afectarían al equilibrio entre bacterias residentes y los medios de control (acidificación del medio), lo que desencadenaría mayor proliferación de la población bacteriana, haciendo del sitio un foco de infección en potencia. La frecuencia aumenta conforme a la edad; se considera que la carencia de la influencia hormonal en períodos postmenopáusicos es un factor de gran importancia en la colonización bacteriana asintomática y en la mayoría de las infecciones gineco-urinarias. *L. actinomyces* ocupa el segundo lugar según lo encontrado; es causante de actinomicosis y se ha relacionado el uso de DIU con la presentación ginecológica de esta enfermedad; sin embargo, la progresión a enfermedad depende de factores locales, de sus mecanismos defensivos y no del estado del sistema inmunológico de la paciente. Se observó en el frotis de Papanicolaou en 13 mujeres de este estudio, pero el diagnóstico es controvertido, ya que se considera tanto como flora genital nativa como saprofita. Lo más frecuente es que se le asocie su residencia vaginal al coito. Los casos sintomáticos se deben a microorganismos como: *T. gondii*, *C. trachomatis*, *Candida* y *T. vaginalis* que se relacionó en menos de 7% de los casos y que, en orden respectivo, ocupan en frecuencia el tercer, cuarto, quinto y sexto lugar de los casos hallados. En su mayoría, correspondieron a mujeres con vida sexual activa y número de parejas sexuales mayor o igual a dos. A excepción de las pacientes con hallazgo de *Candida*, quienes se caracterizaban por ser pacientes multigestantes (igual o mayor a tres gestas) y menopáusicas.

REFERENCIAS

1. Gill SR, Pop M, Deboy RT, Eckburg PB, Turnbaugh PJ, Samuel BS et al. Metagenomic analysis of the human distal gut microbiome. *Science*. 2006; 312 (5778): 1355-1359.
2. Boskey ER, Cone RA, Whaley KJ, Moench TR. Origins of vaginal acidity: high D/L lactate ratio is consistent with bacteria being the primary source. *Hum Reprod*. 2001; 16 (9): 1809-1813.
3. Kusters JG, Reuland EA, Bouter S, Koenig P, Dorigo-Zetsma JW. A multiplex real-time PCR assay for routine diagnosis of bacterial vaginosis. *Eur J Clin Microbiol Infect Dis*. 2015; 34 (9): 1779-1785.
4. Martínez MW. Actualización sobre vaginosis bacteriana. *Rev Cubana Obstet Ginecol*. 2013; 39 (4): 427-441.
5. Martínez MA, Barría A, Meneses R, Oyarzún P, Sandoval J. Vulvovaginitis en la adolescencia: estudio etiológico. *Rev Chil Obstet Ginecol*. 2003; 68 (6): 499-502.
6. González-Pedraza AA, Ortiz-Zaragoza C, Dávila-Mendoza R, Valencia-Gómez CM. Infecciones cervicovaginales más frecuentes: prevalencia y factores de riesgo. *Rev Cubana Obstet Ginecol*. 2007; 33 (2): 1-12.
7. Gergova RT, Strateva TV, Mitov IG. Gardnerella vaginalis-associated bacterial vaginosis in Bulgarian women. *Braz J Infect Dis*. 2013; 17 (3): 313-318.
8. El Sayed Zaki M, Raafat D, El Emshaty W, Azab MS, Goda H. Correlation of Trichomonas vaginalis to bacterial vaginosis: a laboratory-based study. *J Infect Dev Ctries*. 2010; 4 (3): 156-163.
9. Salas N, Ramírez JF, Ruiz B, Torres E, Jaramillo LN, Gómez-Marín JE. Prevalencia de microorganismos asociados a infecciones vaginales en 230 mujeres gestantes y no gestantes sintomáticas del Centro de Salud La Milagrosa en el municipio de Armenia (Colombia). *Rev Colomb Obstet Ginecol*. 2009; 60 (2): 135-142.
10. Rosenstein IJ, Morgan DJ, Sheehan M, Lamont RF, Taylor-Robinson D. Bacterial vaginosis in pregnancy: distribution of bacterial species in different gram-stain categories of the vaginal flora. *J Med Microbiol*. 1996; 45 (2): 120-126.
11. Fredricks DN, Fiedler TL, Marranzano JM. Molecular identification of bacteria associated with bacterial vaginosis. *N Engl J Med*. 2005; 353 (18): 1899-1911.
12. Turnbaugh PJ, Ley RE, Hamady M, Fraser-Liggett CM, Knight R, Gordon JI. The human microbiome project. *Nature*. 2007; 449 (7164): 804-810.