

ESTUDIO DE LA MICROBIOTA PATÓGENA EN MUESTRAS CLÍNICAS DE HISOPADOS CERVICALES DE MUJERES CON VPH

Martha Nahomi Ávila Hernández, Cristina Fragoso Pegueros, Fernanda Domínguez Caballero

Universidad La Salle, Facultad de Ciencias Químicas. México, Ciudad de México.

nahomiavilah17@gmail.com, cristinafragoso@lasallistas.org.mx,
f.dc@lasallistas.org.mx

Resumen. La microbiota del cérvix, al igual que las de otras partes del cuerpo humano produce microambientes fisiológicamente favorables para el funcionamiento adecuado del epitelio y limita el desarrollo de infecciones causadas por la colonización de agentes patógenos. Se sabe que las alteraciones en el microbioma tienen una estrecha relación con diversos tipos de infecciones, principalmente las de transmisión sexual como las causadas por el Virus del Papiloma Humano (VPH). En este trabajo se muestran los resultados de los aislamientos patógenos de muestras clínicas a nivel cérvix que se le realizaron a mujeres con VPH. De cincuenta y un muestras iniciales de hisopados cervicales de mujeres con lesiones por VPH treinta y seis resultaron positivas a la presencia de Enterobacterias, *Streptococcus sp.* o *Staphylococcus sp.* considerados patógenos importantes en el epitelio cervical. Estos hallazgos pueden aportar información para nuevas estrategias terapéuticas, preventivas y de diagnóstico oportuno.

Palabras Clave: microbiota patógena, microbiota normal, Virus del Papiloma Humano (VPH)

1 Descripción de la problemática prioritaria abordada

La microbiota cervical sana consta de aquellos microorganismos como bacterias ácido-lácticas que normalmente tienen acciones benéficas en ese ambiente. [1] Por el contrario, una microbiota alterada se relaciona comúnmente al aumento de especies que en su mayoría son patógenas, tales como: *G. vaginalis*, *Peptostreptococcus spp.*, *Prevotella sp.*, *Pseudomonas sp.*, *Streptococcus sp.*, *Staphylococcus sp.* y diversos géneros de Enterobacterias. [2-3]

En la microbiota normal del cérvix se pueden llegar a detectar microorganismos procedentes de la zona posterior de la vagina. Se dice que una microbiota cervical sana está contenida en su mayoría por *Lactobacillus sp.*, mientras que una microbiota vaginal no saludable, se asocia generalmente con un aumento de la diversidad de las especies, en su mayoría patógenas.[3] El que se presente una microbiota cervicovaginal anormal ocurre debido a varios factores como el establecimiento de infecciones de transmisión sexual (ITS), la colonización de un organismo que no es parte de la microbiota normal o incluso la llegada de un organismo que normalmente es beneficioso para la salud pero puede causar una infección si se multiplica demasiado o se vuelve más virulento.[2]

Hoy en día, poco se sabe acerca de la relación que el Virus del Papiloma Humano (VPH) ocasiona al microbioma cervical, sobre todo por el riesgo tan alto de producir lesiones cervicales o neoplasias del cuello uterino [4].

El Objetivo de Desarrollo Sostenible (ODS) en el que se sustenta este trabajo corresponde al tres: Salud y bienestar. Este ODS promueve la prevención y el tratamiento de enfermedades transmisibles, destacando la importancia de la vacunación contra el VPH para prevenir el cáncer cervical. El acceso a servicios de salud, educación y concienciación sobre el VPH son esenciales para reducir su incidencia. Además, se fomenta la detección temprana y el tratamiento adecuado para quienes ya están infectados.

2 Objetivo

- Identificar la diversidad bacteriana de patógenos presentes en la microbiota cervical de pacientes con lesiones por VPH para su conservación y posterior análisis molecular, con el fin de desarrollar estrategias de prevención y de diagnóstico oportuno.

3 Propuesta teórico-metodológica

Inicialmente se contó con 51 muestras de hisopados cervicales tomadas de mujeres que ya presentaban lesiones de VPH, de las cuales a su vez, se empezó su aislamiento con el uso de medios diferenciales y selectivos; por un lado se usó un medio de manitol del cual se tomaban sólo las muestras que lograran fermentarlo, es decir, muestras que fueran manitol positivas, para posteriormente hacerles una prueba de catalasa la cual se buscaba que igual fuera positiva y de esta manera reconocer las especies del género *Staphylococcus spp.* Por otro lado, el agar sangre fue otro de los medios selectivos que se usaron en esta metodología. De este agar sólo se tomaron en cuenta las bacterias que fueran β - hemolíticas y en prueba de catalasa fueran negativas para que así se pudiera decir que se hablaba del grupo de *Streptococcus spp.*

El tercer medio que se utilizó fue el EMB del cual se aislaron las bacterias lactosa positiva y negativas para de esta manera saber que se tenían Enterobacterias. Sin importar los medios, una vez aislados estos grupos se les realizó una tinción de Gram y se separaron los siguientes grupos:

- Cocos G(+)
- Bacilos G(-)
- Bacilos G(+)

Posteriormente se identificaron géneros y especies de manera más específica para cada paciente.

4 Discusión de resultados

Se recolectaron 51 muestras de hisopados cervicales de mujeres con lesiones por VPH con el objetivo de identificar las principales especies bacterianas patógenas presentes; de estas muestras, 36 presentaron crecimiento de Enterobacterias, *Streptococcus sp.* o *Staphylococcus sp.* [Tabla 1].

A partir de estas 36 muestras, se obtuvieron 51 aislados y la frecuencia para los grupos bacterianos de interés fue la siguiente: el 33.3% (17/51) fue para *Enterococcus*; el 25.5% (13/51) fue para el grupo KES o enterobacterias; el 25.5% (13/51) para *Streptococcus* y el 15.7% (8/51) fue para *Staphylococcus*". [Figura 1 y Figura 2]

5 Conclusiones y perspectivas futuras

El cérvix es una zona poco estudiada en relación a la microbiota que la coloniza, por lo que los resultados obtenidos aportan información de utilidad para diseñar métodos de diagnóstico oportuno y en la prevención y tratamiento de infecciones bacterianas relacionadas con infecciones por el virus del papiloma humano (VPH). La identificación y caracterización de las bacterias presentes en el cérvix son cruciales para comprender mejor cómo estas comunidades microbianas influyen en la salud cervical y en la progresión de infecciones por VPH. Por lo anterior, los aislamientos bacterianos obtenidos se conservaron para futuros análisis de resistencia a antibióticos y estudios moleculares. Estos estudios permitirán tipificar de manera exacta especies y subespecies bacterianas y su correlación con las infecciones por VPH, lo que puede llevar al desarrollo de nuevas estrategias terapéuticas y preventivas. En particular, la identificación de patrones de resistencia a antibióticos es esencial para guiar el uso racional de estos medicamentos y prevenir la aparición de cepas resistentes.

La información obtenida puede ser utilizada para desarrollar pruebas diagnósticas más precisas y rápidas, que no solo detectan infecciones por VPH, sino que también identifiquen desequilibrios en la microbiota cervical que puedan predisponer a infecciones o complicaciones adicionales ya que con un mejor entendimiento de la microbiota cervical, se pueden diseñar tratamientos personalizados que restauren el equilibrio microbiano y fortalezcan la resistencia natural del cérvix a infecciones por VPH y otras bacterias patógenas.

6 Referencias

1. Chapa, E., (2021). "Análisis de la microbiota cervical e infección por el virus del papiloma humano en diferentes estadios de la transformación del epitelio cervical. Tecnológico de Monterrey. [tesis]. Recuperado de: <https://hdl.handle.net/11285/643647>
2. Manzanares, G., (2018). "Estudio de las variaciones de la microbiota presente en cérvix de las mujeres atendidas en el INCAN durante el tratamiento por cáncer cervicouterino. Universidad Autónoma del Estado de México. [tesis]. Recuperado de: <http://ri.uaemex.mx/bitstream/handle/20.500.11799/98982/Microbiota+en+Cervix+RI.pdf;jsessionid=472468D7FA8F74C6D0E0716A0D8B2D7A?sequence=1>
3. Nieves, M., Partida, O. et.al. (2021) Cervical squamous intraepithelial lesions are associated with differences in the vaginal microbiota of Mexican women. *Microbiology Spectrum*. Disponible en: <https://doi.org/10.1128/Spectrum.00143-21>
4. Madrid, V., Torres, K. (2018). "La importancia de la microbiota cervicovaginal cáncer cervicouterino". Facultad de Medicina Universidad Nacional Autónoma de México. Recuperado de: <http://bq.facmed.unam.mx/tab/wp-content/uploads/2020/02/6-Madrid-Marina.pdf>

Tabla 1. Especies aisladas por muestra

ID	Enterobacterias	Enterococcus sp.	Staphylococcus sp.	Streptococcus sp.
HJ	<i>P. aeruginosa</i>	–	–	–
TdC	<i>Cronobacter sp.</i>	–	<i>S. aureus</i>	–
ER	–	–	–	<i>Streptococcus sp.</i>
HM5	–	–	–	<i>Streptococcus sp.</i>
AL	–	<i>E. faecium</i>	–	–
LJH	–	<i>Enterococcus sp.</i>	–	<i>Streptococcus sp.</i>
E.rojas	<i>E. coli</i>	–	<i>S. aureus</i>	–
HM1	–	–	<i>S. aureus</i>	–
HM3	<i>E. cloacae</i>	<i>E. durans</i>	–	–
RG	–	<i>E. faecalis</i>	–	–
BTG	–	–	–	<i>Streptococcus sp.</i>
LM	<i>Pantoea sp.</i>	–	–	–
GF	<i>E. coli</i>	<i>E. faecalis</i>	–	<i>Streptococcus sp.</i>
LGG	–	–	–	<i>Streptococcus sp.</i>
BLRR	<i>E. coli</i>	<i>Enterococcus sp.</i>	–	–
CM	<i>Pantoea sp.</i> <i>E. cloacae</i>	–	–	–
E. Romero	–	<i>Enterococcus sp.</i>	–	<i>Streptococcus sp.</i>
MAL	–	–	–	<i>Streptococcus sp.</i>
MCR	–	<i>E. faecalis</i>	<i>S. aureus</i>	–
HM12	–	<i>Enterococcus sp.</i>	–	–
SJG	–	<i>Enterococcus sp.</i>	–	–
AV	–	<i>E. faecalis</i>	<i>S. aureus</i>	–
MAZ	–	–	<i>S. aureus</i>	–
CL	–	<i>E. faecium</i>	–	–
RH	–	<i>Enterococcus sp.</i>	–	–
EL	–	–	–	<i>Streptococcus sp.</i>
ARR	No ferm/ no ident	–	–	<i>Streptococcus sp.</i>
MMM	<i>E. coli</i>	<i>E. faecalis</i>	–	–
MSJ	–	<i>E. faecalis</i>	–	–
CBM	–	–	–	<i>Streptococcus sp.</i>
FAF	–	<i>Enterococcus sp.</i>	–	<i>Streptococcus sp.</i>
HM4	–	–	<i>Staphylococcus sp.</i>	–
GZS	<i>Pseudomonas sp.</i>	–	<i>S. aureus</i>	–
MBF	<i>E. cloacae</i> <i>Cronobacter sp.</i> <i>Citrobacter koseri</i>	–	–	–
GRG	–	<i>Enterococcus sp.</i>	–	<i>Streptococcus sp.</i>
KFJ	<i>K. pneumoniae</i> <i>Pantoea sp.</i>	–	–	–

Figura 1. Porcentaje de patógenos (n=36)

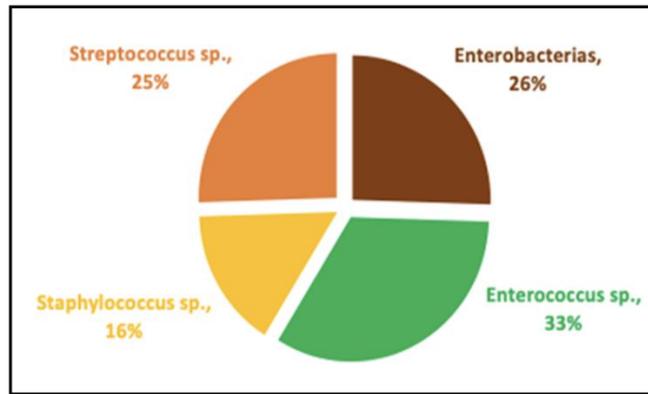


Figura 2. Géneros y especies de Enterobacterias

