



**UNIVERSIDAD NACIONAL DE CHIMBORAZO
FACULTAD CIENCIAS DE LA SALUD
CARRERA DE LABORATORIO CLÍNICO**

Técnicas moleculares para el diagnóstico de vaginosis bacteriana

**Trabajo de Titulación para optar al título de Licenciado en
Laboratorio Clínico**

Autoras:

Pinduisaca Pinta Sandra Verónica
Tirado Martínez Wendy Anahí

Tutora:

MsC. María Carolina Figueroa Miranda

Riobamba, Ecuador. 2026

DECLARATORIA DE AUTORÍA

Yo, Sandra Verónica Pinduisaca Pinta, con cédula de ciudadanía 0606076651, autora del trabajo de investigación titulado: Técnicas moleculares para el diagnóstico de vaginosis bacteriana, certifico que la producción, ideas, opiniones, criterios, contenidos y conclusiones expuestas son de mí exclusiva responsabilidad.

Asimismo, cedo a la Universidad Nacional de Chimborazo, en forma no exclusiva, los derechos para su uso, comunicación pública, distribución, divulgación y/o reproducción total o parcial, por medio físico o digital; en esta cesión se entiende que el cesionario no podrá obtener beneficios económicos. La posible reclamación de terceros respecto de los derechos de autor (a) de la obra referida, será de mi entera responsabilidad; librando a la Universidad Nacional de Chimborazo de posibles obligaciones.

En Riobamba, 21 de abril del 2026.



Sandra Verónica Pinduisaca Pinta

C.I: 0606076651

DECLARATORIA DE AUTORÍA

Yo, Wendy Anahí Tirado Martínez, con cédula de ciudadanía 0550274922, autora del trabajo de investigación titulado: Técnicas moleculares para el diagnóstico de vaginosis bacteriana, certifico que la producción, ideas, opiniones, criterios, contenidos y conclusiones expuestas son de mí exclusiva responsabilidad.

Asimismo, cedo a la Universidad Nacional de Chimborazo, en forma no exclusiva, los derechos para su uso, comunicación pública, distribución, divulgación y/o reproducción total o parcial, por medio físico o digital; en esta cesión se entiende que el cesionario no podrá obtener beneficios económicos. La posible reclamación de terceros respecto de los derechos de autor (a) de la obra referida, será de mi entera responsabilidad; librando a la Universidad Nacional de Chimborazo de posibles obligaciones.

En Riobamba, 21 de abril del 2026.



Wendy Anahí Tirado Martínez

C.I: 0550274922

DICTAMEN FAVORABLE DEL PROFESOR TUTOR

Quien suscribe, **MsC. María Carolina Figueroa Miranda** catedrático adscrito a la **Facultad de Ciencias de la Salud** por medio del presente documento certifico haber asesorado y revisado el desarrollo del trabajo de investigación titulado: **Técnicas moleculares para el diagnóstico de vaginosis bacteriana**, bajo la autoría de **Sandra Verónica Pinduisaca Pinta**; por lo que se autoriza ejecutar los trámites legales para su sustentación.

Es todo cuanto informar en honor a la verdad; en Riobamba, a los 21 días del mes de abril de 2026




MsC. María Carolina Figueroa Miranda

C.I: 0603371626

DICTAMEN FAVORABLE DEL PROFESOR TUTOR

Quien suscribe, **MsC. María Carolina Figueroa Miranda** catedrático adscrito a la **Facultad de Ciencias de la Salud** por medio del presente documento certifico haber asesorado y revisado el desarrollo del trabajo de investigación titulado: **Técnicas moleculares para el diagnóstico de vaginosis bacteriana**, bajo la autoría de **Wendy Anahí Tirado Martínez**; por lo que se autoriza ejecutar los trámites legales para su sustentación.

Es todo cuanto informar en honor a la verdad; en Riobamba, a los 21 días del mes de abril de 2026



MsC. María Carolina Figueroa Miranda

C.I: 0603371626

CERTIFICADO DE LOS MIEMBROS DEL TRIBUNAL

Quienes suscribimos, catedráticos designados Miembros del Tribunal **de Grado** para la evaluación del trabajo de investigación **Técnicas moleculares para el diagnóstico de la vaginosis bacteriana**, presentado por **Sandra Verónica Pinduisaca Pinta**, con cédula de identidad número **0606076651**, bajo la tutoría de MsC. María Carolina Figueroa Miranda; certificamos que recomendamos la **APROBACIÓN** de este con fines de titulación. Previamente se ha evaluado el trabajo de investigación y escuchada la sustentación por parte de su autor; no teniendo más nada que observar.

De conformidad a la normativa aplicable firmamos, en Riobamba 29 de abril del 2026

Carlos Iván Peñafiel Méndez. Mgs.
PRESIDENTE DEL TRIBUNAL DE GRADO



Norma Susana Chávez Villagómez. Mgs.
MIEMBRO DEL TRIBUNAL DE GRADO



Iván Marcelo Cantuña Vallejo. MsC.
MIEMBRO DEL TRIBUNAL DE GRADO



CERTIFICADO DE LOS MIEMBROS DEL TRIBUNAL

Quienes suscribimos, catedráticos designados Miembros del Tribunal de Grado para la evaluación del trabajo de investigación **Técnicas moleculares para el diagnóstico de la vaginosis bacteriana**, presentado por **Wendy Anahí Tirado Martínez**, con cédula de identidad número **0550274922**, bajo la tutoría de MsC. María Carolina Figueroa Miranda; certificamos que recomendamos la APROBACIÓN de este con fines de titulación. Previamente se ha evaluado el trabajo de investigación y escuchada la sustentación por parte de su autor; no teniendo más nada que observar.

De conformidad a la normativa aplicable firmamos, en Riobamba 29 de abril del 2026

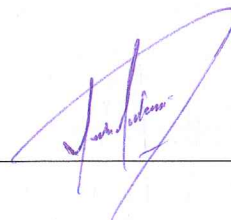
Carlos Iván Peñafiel Méndez. Mgs.
PRESIDENTE DEL TRIBUNAL DE GRADO



Norma Susana Chávez Villagómez. Mgs.
MIEMBRO DEL TRIBUNAL DE GRADO



Iván Marcelo Cantuña Vallejo. MsC.
MIEMBRO DEL TRIBUNAL DE GRADO





Dirección
Académica
VICERRECTORADO ACADÉMICO

en movimiento



UNACH-RGF-01-04-08.17
VERSIÓN 01: 06-09-2021

CERTIFICACIÓN

Que, **PINDUISACA PINTA SANDRA VERÓNICA** con CC: **0606076651**, estudiante de la Carrera **LABORATORIO CLÍNICO**, Facultad de **CIENCIAS DE LA SALUD**; ha trabajado bajo mi tutoría el trabajo de investigación titulado "**TÉCNICAS MOLECULARES PARA EL DIAGNÓSTICO DE VAGINOSIS BACTERIANA**", cumple con el 7 %, de acuerdo al reporte del sistema Anti plagio **COMPILATIO**, porcentaje aceptado de acuerdo a la reglamentación institucional, por consiguiente, autorizo continuar con el proceso.

Riobamba, 21 de abril de 2026

MsC. María Carolina Figueroa Miranda
TUTOR(A)



Dirección
Académica
VICERRECTORADO ACADÉMICO

en movimiento



UNACH-RGF-01-04-08.17
VERSIÓN 01: 06-09-2021

CERTIFICACIÓN

Que, **TIRADO MARTINEZ WENDY ANAHI** con CC: **0550274922**, estudiante de la Carrera **LABORATORIO CLÍNICO**, Facultad de **CIENCIAS DE LA SALUD**; ha trabajado bajo mi tutoría el trabajo de investigación titulado " **TÉCNICAS MOLECULARES PARA EL DIAGNÓSTICO DE VAGINOSIS BACTERIANA**", cumple con el 7 %, de acuerdo al reporte del sistema Anti plagio **COMPILATIO**, porcentaje aceptado de acuerdo a la reglamentación institucional, por consiguiente, autorizo continuar con el proceso.

Riobamba, 21 de abril de 2026

MsC. María Carolina Figueroa Miranda
TUTOR(A)

DEDICATORIA

Dedico este trabajo de investigación principalmente a Dios que ha sido fuente de mi fortaleza y guía en cada paso durante este camino, por darme sabiduría y fuerza para superar cada desafío. A mi hijo Eithan, mi pilar fundamental, mi mayor inspiración y la razón de todo mi esfuerzo, cada paso que doy es por ti para asegurarte un futuro lleno de amor, oportunidades y esperanza. A mis padres y hermanos quienes han sido la base de mi vida, mi inspiración diaria y mi mayor ejemplo de perseverancia. Por su amor incondicional, sus consejos y sacrificios silenciosos, hoy este logro también les pertenece.

***Sandra Verónica Pinduisaca
Pinta***

Dedico este trabajo de investigación, en primer lugar, a Dios, por darme la vida, la fortaleza y la sabiduría necesarias para superar cada desafío y no rendirme en los momentos difíciles. A mis padres, por su amor incondicional, sacrificio constante y apoyo inquebrantable a lo largo de este camino. A mis hermanos por creer en mí, por sus consejos, paciencia y por ser el pilar fundamental que me permitió alcanzar este logro. Este trabajo es reflejo de su esfuerzo.

Wendy Anahí Tirado Martínez

AGRADECIMIENTO

Agradezco a Dios, a mi familia y a la Universidad Nacional de Chimborazo por darme la oportunidad de formarme profesionalmente, expreso mi gratitud a mis estimados docentes, quienes generosamente compartieron conmigo sus sabias enseñanzas, a mi compañera de tesis y amiga Wendy Tirado y finalmente a mi tutora Mgs. María Carolina Figueroa Miranda que con su paciencia, orientación y conocimientos me ayudó a lograr la elaboración de este trabajo.
Sandra Verónica Pinduisaca Pinta

Agradezco a la Universidad Nacional de Chimborazo, por brindarme la oportunidad de formarme profesionalmente y por proporcionarme los conocimientos, recursos y valores que contribuyeron a mi desarrollo académico, a mi compañera de tesis y amiga Sandra Pinduisaca y de manera especial, agradezco a mi tutora MsC. María Carolina Figueroa Miranda, por su orientación, dedicación y valiosos aportes durante el desarrollo de este trabajo.

Wendy Anahí Tirado Martínez

ÍNDICE GENERAL

CAPÍTULO I. INTRODUCCIÓN	16
CAPÍTULO II. MARCO TEÓRICO.	20
Vaginosis Bacteriana.....	20
Definición.....	20
Etiología.....	20
Fisiopatología	21
Cuadro clínico.....	21
Tratamiento	21
Diagnóstico.....	22
Criterios de Amsel	22
Puntuación de Nugent	23
Técnicas moleculares	24
Reacción en cadena de la polimerasa en tiempo real multiplex (RT-PCR).....	24
Hibridación fluorescente in situ (FISH)	25
Paneles multiplex	25
Prueba de Amplificación de Ácidos Nucleicos (NAAT)	26
Secuenciación 16S rNA.....	26
PCR con sondas fluorogénicas	27
Metagenómica shotgun.....	27
Metatranscriptómica RNA-seq.....	27
Femoflor.....	28
CAPÍTULO III. METODOLOGÍA.....	28
CAPÍTULO IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN.....	32

CAPÍTULO V. CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES.....	39
BIBLIOGRAFÍA.....	39
ANEXOS	50

ÍNDICE DE TABLAS.

Tabla 1. Esquemas terapéuticos para el tratamiento de la Vaginosis Bacteriana.....	22
Tabla 2. Los criterios de Amsel para diagnosticar Vaginosis Bacteriana.	23
Tabla 3. Técnicas moleculares utilizadas para el diagnóstico de Vaginosis Bacteriana	32
Tabla 4. Microorganismos asociados a Vaginosis Bacteriana identificados mediante técnicas moleculares.	35
Tabla 5. Comparación de la sensibilidad y especificidad de las técnicas moleculares frente a los métodos diagnósticos tradicionales en la detección de la vaginosis bacteriana.....	37

ÍNDICE DE FIGURAS

Ilustración 1. Diagrama de estrategia de búsqueda.....	31
---	----

RESUMEN

La Vaginosis Bacteriana es una condición frecuente que afecta la microbiota vaginal y se caracteriza por un desbalance entre microorganismos protectores, especialmente lactobacilos y agentes oportunistas. Su identificación ha sido compleja en la práctica clínica debido a la precisión limitada de los métodos convencionales, lo que ha motivado la incorporación de herramientas moleculares más sofisticadas. En este sentido, el propósito de este estudio fue evaluar la utilidad de dichas técnicas en la detección de esta patología. La investigación se desarrolló con un enfoque cualitativo, mediante un diseño documental y no experimental. Se llevó a cabo una revisión sistemática de literatura científica en diversas bases de datos reconocidas, como: Medigraphic, Scielo, SEMERGEN, Elsevier, Google Académico, ProQuest, portales médicos, BMJ Journals, Crónicas Científicas y PubMed, considerando una población de 80 artículos y una muestra final de 36. Los hallazgos evidencian que esta alteración no es causada por un único microorganismo, sino por un desequilibrio en la flora vaginal, donde disminuyen los *Lactobacillus* y proliferan bacterias como: *Gardnerella*, *Atopobium* y *Prevotella*; además, una mayor diversidad microbiana se asocia con cuadros persistentes o recurrentes. Asimismo, se observa que técnicas como la qPCR, NAAT y la secuenciación del rRNA 16S permiten detectar estos cambios con mayor precisión, alcanzando niveles de sensibilidad y especificidad superiores al 90%, en contraste con métodos tradicionales como Amsel o Nugent, cuya interpretación puede variar según el evaluador. De igual manera, estas herramientas avanzadas facilitan la identificación de coinfecciones y ofrecen una visión más integral del estado vaginal, favoreciendo diagnósticos más rápidos y confiables. En conclusión, las técnicas moleculares representan actualmente una alternativa más exacta y consistente para la detección de la vaginosis bacteriana, contribuyendo a una mejor toma de decisiones clínicas y a un manejo adecuado de las pacientes en distintos contextos de atención.

Palabras clave: Vaginosis bacteriana; Técnicas moleculares; PCR; Microbiota vaginal; Diagnóstico molecular

ABSTRACT

Bacterial vaginosis is a prevalent vaginal microbiota disorder characterized by an imbalance between protective lactobacilli and opportunistic pathogens. Diagnosing this condition remains difficult due to the limited accuracy of traditional methods, which has driven the adoption of advanced molecular diagnostics. This study aimed to assess the effectiveness of these techniques in identifying bacterial vaginosis. The investigation applied a qualitative, documentary, and non-experimental framework. The scientific literature was systematically reviewed from established databases, including Medigraphic, SciELO, SEMERGEN, Elsevier, Google Scholar, ProQuest, medical portals, BMJ Journals, Crónicas Científicas, and PubMed, yielding a total of 80 articles and a final sample of 36. The evidence indicates that bacterial vaginosis arises from vaginal flora dysbiosis, marked by decreased *Lactobacillus* and increased *Gardnerella*, *Atopobium*, and *Prevotella*, rather than a single pathogen; greater microbial diversity correlates with recurrent or persistent symptoms. Notably, methods such as qPCR, NAAT, and 16S rRNA sequencing detect these changes with high accuracy, achieving sensitivity and specificity above 90%, unlike Amsel or Nugent, whose interpretations vary with the examiner. In addition, molecular tools identify co-infections and provide a comprehensive assessment of vaginal health, facilitating faster and more reliable diagnoses. Overall, molecular diagnostics represent the most precise and consistent approach for diagnosing bacterial vaginosis, supporting improved clinical decisions and optimized patient care across settings.

Keywords: Bacterial vaginosis; PCR; Molecular techniques; Vaginal microbiome; Molecular Diagnostics



Revista Colombiana de
JESSICA MARIA
GUARANGA
LEMA

Validar dirección URL: [http://dx.doi.org/10.15446/rclm.2023.11.1.111111](#)

Reviewed by:

Mgs. Jessica María Guaranga Lema
ENGLISH PROFESSOR
C.C. 0606012607

CAPÍTULO I. INTRODUCCIÓN

La presente investigación aborda el estudio de las técnicas moleculares aplicadas en el diagnóstico de la Vaginosis Bacteriana (VB), mediante el análisis de métodos moleculares y la detección específica de microorganismos asociados a esta alteración del microbioma vaginal. La VB es la causa más común de flujo vaginal anormal en mujeres en edad reproductiva, con una prevalencia estimada entre el 10 % y el 30 %.

Esta condición se caracteriza por una alteración de la microbiota vaginal, en la cual se produce una disminución de los lactobacilos y un crecimiento excesivo de bacterias anaerobias facultativas y estrictas como *G. Vaginalis*, *Fannyhessea vaginae*, *Mobiluncus curtisii*, *Prevotella bivia* y *Megasphaera* tipo I; como consecuencia de este desequilibrio microbiano se presentan cambios en las características del flujo vaginal, generalmente descrito como una secreción homogénea de color blanco grisáceo con olor característico¹.

Con el propósito de analizar la composición de la microbiota vaginal y las especies principales de lactobacilos en mujeres no embarazadas con flujo vaginal, Savicheva et al. llevaron a cabo una investigación observacional en Rusia, que incluyó a 331 participantes diagnosticadas por medio del examen clínico, los criterios de Nugent y la prueba Femoflor, para ello, emplearon la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) multiplex en tiempo real, los hallazgos indicaron una reducción considerable de los lactobacilos, sobre todo *Lactobacillus crispatus*, y un predominio de *Gardnerella vaginalis*, también se descubrió que la PCR multiplex es muy sensible y específica, lo cual hace que sea una opción diagnóstica más efectiva en comparación con los criterios de Amsel y la puntuación Nugent.²

En Estados Unidos Oyenihi et al. desarrollaron y evaluaron una prueba de PCR que puede detectar múltiples bacterias asociadas a la VB con el propósito de perfeccionar su diagnóstico. Se estudió la diversidad y la abundancia de 946 muestras almacenadas de la vagina, con la intención de construir un índice para el diagnóstico de la BV, llamado MDL-BV. Por eso diseñaron un ensayo molecular que detecta 22 especies distintas de bacterias. Los resultados mostraron una sensibilidad y especificidad del 95 % al 100 % y encontraron que había mayores cantidades de *Lactobacillus crispatus*, *Lactobacillus iners* y *G. Vaginalis*.

El índice detectó 491 muestras con VB, 318 negativas y 137 transicionales, lo que indica que la PCR permite un diagnóstico eficaz en un tiempo aproximado de ocho horas³.

En América Latina la Organización Panamericana de la Salud (OPS) indica que la prevalencia de la VB en el 2016 fue del 69,1%, entre las cuales las mujeres solteras y las portadoras de dispositivos intrauterinos (DIU) presentaban un alto riesgo VB. Asimismo, esta alteración se asoció con complicaciones obstétricas y ginecológicas, entre ellas se incluyen aborto espontáneo, corioamnionitis y parto prematuro, además de un mayor riesgo de contraer patógenos de transmisión sexual como el virus de la inmunodeficiencia humana (VIH) y el virus del papiloma humano (VPH)⁴.

González-Mustri et al. realizaron una investigación en México con el propósito de determinar la frecuencia de *G. Vaginalis* mediante amplificación de ácidos nucleicos, empleando la PCR, en muestras cervicovaginales obtenidas de pacientes asistidas en una institución sanitaria del tercer nivel. En 121 muestras del cuello uterino y la vagina se llevó a cabo un análisis molecular del ARN ribosomal 16S. Los resultados mostraron que en 34 muestras había *G. Vaginalis*. Se concluyó que la PCR de punto final tiene mayor capacidad de detección, identificando aproximadamente tres veces más casos que el cultivo en medio artificial⁴.

En México, Muñoz Rosario et al. determinaron la prevalencia de la microbiota vaginal en pacientes que acudieron a una clínica de ginecología y reproducción asistida. Se realizó un estudio transversal y prospectivo, entre agosto de 2022 y enero de 2023, en 97 mujeres entre 20 y 50 años, en donde se realizó análisis de la microbiota vaginal y endocervical mediante PCR en termociclador CFX96 Bio-Rad y se aplicaron análisis estadístico con chi cuadrado de Pearson. Los resultados mostraron que la prevalencia de *G. Vaginalis* fue la más alta (89,7%), seguida de *Atopobium vaginae* (77%) y *Candida spp.* (63%), mientras que la prevalencia de *Trichomonas vaginalis* fue baja. Concluyeron que la PCR permite identificar la prevalencia y asociaciones entre patógenos de la microbiota vaginal⁴.

En Ecuador, el Instituto Nacional de Estadística y Censos (INEC) 2017 menciona que la VB es una de las principales causas de morbilidad ambulatoria en mujeres. También, se indica que la VB representa entre el 40% y el 50% de los diferentes tipos de infecciones vaginales y es responsable de un alto porcentaje de morbimortalidad materno-perinatal⁵. Por ende, la identificación de los patógenos implicados en la microbiota vaginal es importante para

comprender mejor su comportamiento epidemiológico y establecer medidas de manejo adecuadas⁶.

A nivel local, Flores et al. especificaron los análisis de laboratorio para detectar infecciones bacterianas vaginales en adolescentes embarazadas que fueron atendidas en el Hospital General Docente de Riobamba. Con el análisis de los historiales médicos de 153 pacientes se llevó a cabo una investigación de tipo descriptiva, no experimental, retrospectiva y transversal. Después de implementar los criterios de exclusión e inclusión, se logró una muestra compuesta por 108 adolescentes. Se realizaron análisis de la química sanguínea, biometría hemática, cultivo de secreción vaginal y urocultivo. Se identificó una relación importante entre las complicaciones en los neonatos y la edad gestacional; los más frecuentes fueron *Escherichia coli* (15%), *vaginitis mixta* (13%), *Candida albicans* (7%) y *Gardnerella vaginalis* (6%). Las pruebas de laboratorio pueden identificar infecciones bacterianas que están relacionadas con posibles complicaciones obstétricas, según se determinó⁷.

En la práctica clínica, el diagnóstico de la VB se realiza por medio de la puntuación de Nugent y los criterios de Amsel basada en tinción de Gram. No obstante, estas herramientas presentan limitaciones, como la necesidad de habilidades técnicas para la preparación y lectura de las muestras, así como la variabilidad en la interpretación de los resultados¹⁰. Aunque en los últimos años se han desarrollado nuevas herramientas de biología molecular que permiten una identificación más precisa de los patógenos presentes en la microbiota vaginal, su uso aún es limitado debido a factores como la disponibilidad en los servicios de salud y el costo^{8, 9}.

La VB es una de las infecciones vaginales más frecuentes, pero su diagnóstico aún se basa, en métodos tradicionales como los criterios de Amsel y la puntuación de Nugent, los cuales presentan limitaciones en cuanto a sensibilidad, especificidad e interpretación debido a su dependencia de la experiencia del personal de salud y su posible subjetividad. Esto puede conllevar, como consecuencia, a diagnósticos tardíos o incorrectos, sobre todo en mujeres en edad reproductiva y especialmente en entornos rurales o con acceso limitado a servicios especializados. Esto incrementa, a su vez, la probabilidad de que aparezcan problemas ginecológicos y obstétricos y de que se produzca la transmisión de infecciones de transmisión sexual (ITS). En este escenario se hace necesario analizar las técnicas moleculares disponibles para el diagnóstico de la VB, con el propósito de mejorar la

precisión diagnóstica y aportar al fortalecimiento de las estrategias de atención en salud. Por ende, se formula la siguiente pregunta de investigación:

¿Cuáles son las técnicas moleculares utilizadas para el diagnóstico de Vaginosis Bacteriana?

La presente investigación se justifica por la alta prevalencia de la vaginosis bacteriana (VB) y la necesidad de superar las limitaciones de los métodos diagnósticos tradicionales mediante el uso de técnicas moleculares como la PCR. El propósito fundamental es facilitar un diagnóstico precoz y preciso que permita prevenir complicaciones ginecológicas y obstétricas, optimizando la toma de decisiones clínicas y el tratamiento oportuno. Los principales beneficiarios son las mujeres en edad fértil, especialmente en zonas rurales con acceso limitado a la salud, así como las instituciones médicas que podrán mejorar sus tácticas de control. Como aporte principal, este estudio fortalece el conocimiento científico sobre la microbiota vaginal y establece una base metodológica avanzada para futuras investigaciones, promoviendo una salud reproductiva más eficiente y exacta, para dar cumplimiento a la investigación se proponen el siguiente objetivo general:

Considerar la utilidad de las técnicas moleculares para el diagnóstico de Vaginosis Bacteriana mediante una revisión bibliográfica.

Y posteriormente, los siguientes objetivos específicos:

- Destacar las principales técnicas moleculares aplicadas en el diagnóstico de Vaginosis Bacteriana a través de la revisión bibliográfica para la determinación de la utilidad de las técnicas.
- Distinguir los microorganismos asociados a la Vaginosis Bacteriana mediante técnicas moleculares para la precisión diagnóstica de esta patología.
- Comparar la sensibilidad y especificidad de las técnicas moleculares frente a los métodos diagnósticos tradicionales, mediante el análisis de estudios comparativos para la determinación de su eficacia en la detección de la Vaginosis Bacteriana.

CAPÍTULO II. MARCO TEÓRICO.

Vaginosis Bacteriana

Definición

La VB se identifica como una afección clínica que se produce debido al crecimiento excesivo de bacterias en la vagina, lo que provoca flujo vaginal y se caracteriza por un olor desagradable y picazón en la región perineal¹¹. Esta condición suele ser provocada por una reducción en el crecimiento habitual de lactobacilos que producen peróxido de hidrógeno (H₂O₂) y un exceso de bacterias anaerobias; algunos estudios sugieren que, durante las relaciones sexuales, la aparición del patógeno de la VB se debe al desequilibrio generado en la flora bacteriana típica de la región vulvar¹².

Etiología

Por lo general, la VB se produce por un incremento excesivo de bacterias anaerobias, acompañado por una reducción de los Lactobacilos que generan peróxido de hidrógeno en la vagina. Sin embargo, la causa precisa de esta infección, derivada de la proliferación de *G. vaginalis* y otras bacterias anaerobias, sigue siendo desconocida¹³. Si bien *G. vaginalis* no se considera contagiosa, su grado de transmisibilidad aún no está claro. La transmisión de esta bacteria a través de la actividad sexual podría alterar el equilibrio bacteriano vaginal natural; este desequilibrio crea un ambiente propicio para el crecimiento excesivo de bacterias anaerobias oportunistas, incluida *G. vaginalis*, lo que potencialmente desencadena la VB¹⁴.

Se han detectado estudios de *G. vaginalis* en el tracto vaginal de hasta el 50 % de las mujeres asintomáticas, lo que sugiere que probablemente forma parte de la flora vaginal normal; diversos factores pueden contribuir al desarrollo de la VB, como los baños frecuentes, las duchas vaginales, el tabaquismo, tener múltiples parejas sexuales, el uso de productos de higiene intravaginal de venta libre, los altos niveles de estrés y el aumento de la frecuencia de la actividad sexual¹⁵. Se ha observado la transmisión de *G. vaginalis* entre mujeres que tienen relaciones sexuales con otras mujeres, posiblemente a través del contacto directo de las membranas mucosas o el uso compartido de juguetes sexuales. Se ha demostrado que tener una pareja sexual femenina aumenta el riesgo de VB en un 60 %¹⁶.

Fisiopatología

La VB se produce por un desequilibrio de la microbiota vaginal; aunque aún no se ha confirmado, se piensa que la mayor parte de las infecciones por VB se inician con *G. Vaginalis*, el cual genera una biopelícula que después ofrece un ambiente favorable para que otras bacterias oportunistas se multipliquen¹⁷. Además, *G. vaginalis* genera vaginolisina, una toxina que crea poros y tiene un impacto en las células humanas. La vaginolisina es una citolisina que depende del colesterol y que comienza complicadas cascadas de señalización, las cuales dan lugar a la lisis de las células diana y a un incremento en la virulencia de *G. Vaginalis*¹⁸.

G. Vaginalis tiene los factores de virulencia necesarios que le posibilitan adherirse a las células epiteliales del huésped, lo cual le facilita competir con *Lactobacillus* por el predominio en el entorno vaginal; se cree que los síntomas de esta patología se originan por la multiplicación de anaerobios vaginales que, por lo general, están latentes y forman vínculos simbióticos con *G. Vaginalis*¹⁹. La VB también es responsable de la presencia de enzimas que reducen la capacidad de los leucocitos del huésped para combatir la infección y de una mayor liberación de endotoxinas que estimulan la producción de citocinas y prostaglandinas dentro de la vagina (Anexo 1)²⁰.

Cuadro clínico

La mayoría de las mujeres con VB presentan flujo vaginal de color blanco grisáceo maloliente; este síntoma suele intensificarse tras las relaciones sexuales; disuria, prurito vaginal y dispareunia pueden ser otros síntomas; no obstante, muchas mujeres afectadas pueden no presentar síntomas. Es importante evaluar la presencia de fiebre, dolor pélvico y antecedentes de infecciones de transmisión sexual (ITS) para descartar afecciones más graves que aún se encuentran en el diagnóstico diferencial²¹.

Tratamiento

La VB se puede tratar con clindamicina o metronidazol; ambos medicamentos son efectivos si se toman por vía oral o se aplican vaginalmente. El tratamiento inicial para esta infección demuestra una eficacia notable, ya que las tasas de curación en 1 mes suelen oscilar entre el 80% y el 90%²². En la tabla 1, se enfatizan los diversos medicamentos para el tratamiento de esta condición.

Tabla 1. Esquemas terapéuticos para el tratamiento de la Vaginosis Bacteriana.

Tipo de tratamiento	Medicamento	Dosis	Vía de administración	Duración
Tratamiento principal	Metronidazol	500 mg	Vía oral, dos veces al día	7 días
	Gel de metronidazol 0,75%	5 g	Intravaginal, una vez	5 días
	Crema de clindamicina 2%			7 días
	Gel de clindamicina 2%			Dosis única
Tratamiento alternativo	Óvulos de clindamicina	100 mg	Intravaginal, cada noche	3 días
	Comprimidos de clindamicina	300 mg	Vía oral, dos veces al día	7 días
	Tinidazol	1 g	Vía oral, una vez al día	5 días
	Tinidazol	2 g	Vía oral, una vez al día	2 días
	Secnidazol (gránulos)			Dosis única

Fuente: Romero Herrero y Andreu Domingo²².

Diagnóstico

Para confirmar el diagnóstico de VB, se debe tomar una muestra de secreción vaginal y preparar una muestra húmeda para ser observada al microscopio. La muestra, en estas circunstancias, puede mostrar un pH vaginal mayor de 4.5; también es posible que se encuentren células clave en el preparado húmedo y que la prueba del olor dé un resultado positivo. Se usa papel indicador para establecer el pH vaginal, contrastándolo con controles de color. Después, se añade una gota de cloruro de sodio (NaCl) a la muestra. Luego, se cubre con un cubreobjetos y se observa al microscopio para determinar las células típicas²³.

Criterios de Amsel

En la práctica clínica, la VB se suele diagnosticar utilizando los criterios de Amsel. Se necesitan al menos tres de los cuatro hallazgos para confirmar el diagnóstico (ver tabla 2); la sensibilidad y especificidad de los criterios de Amsel es del 70 % y del 94 %, respectivamente²⁴. Los criterios de Amsel son clínicamente significativos porque proporcionan un método rápido, económico y accesible para diagnosticar la VB en el punto de atención.

La identificación oportuna mediante estos criterios permite un tratamiento rápido, lo que puede reducir los síntomas, prevenir la recurrencia y disminuir el riesgo de complicaciones como infecciones de transmisión sexual y resultados reproductivos adversos. El uso de los criterios de Amsel requiere una muestra de secreción vaginal, un microscopio y una preparación en portaobjetos o en fresco, y una solución de hidróxido de potasio (KOH); los criterios de Amsel permiten a los profesionales de la salud reducir el amplio diagnóstico diferencial de la secreción y las molestias vaginales con pruebas rápidas y sencillas²⁵.

Tabla 2. Los criterios de Amsel para diagnosticar Vaginosis Bacteriana.

Nº	Criterio	Descripción
1	Flujo vaginal característico	Flujo vaginal homogéneo, abundante, de color blanco grisáceo, con olor a pescado y adherente al cérvix y a la pared vaginal.
2	pH vaginal elevado	pH vaginal mayor a 4,5.
3	Prueba de aminas (KOH)	Prueba de KOH al 10 % positiva; se produce liberación de aminas con olor característico a pescado.
4	Células clave	Presencia de células guía o clave como células epiteliales del vagina que están recubiertas con bacterias anaerobias, lo que les proporciona un aspecto de bordes deshilachados o irregulares.

Fuente: Merchán-Villafuerte et al.²⁴

Puntuación de Nugent

El sistema de puntuación de Nugent se ha considerado durante mucho tiempo el estándar de oro de laboratorio para el diagnóstico de la VB; los criterios de Amsel, introducidos por R. Amsel, P.A. Totten, C.A. Spiegel y sus colegas en una publicación de 1983 del American Journal of Medicine, proporcionaron un enfoque diagnóstico basado en la clínica que se fundamentaba en métodos anteriores basados en la tinción de Gram, como los criterios de Spiegel. En 1991, Nugent y sus colegas perfeccionaron la evaluación microscópica introduciendo un sistema de puntuación estandarizado²⁶. El método de Nugent consiste en examinar frotis vaginales teñidos con Gram bajo inmersión en aceite y evaluar al menos 10 campos de alta potencia para cuantificar 3 morfotipos bacterianos: *Lactobacillus*, *Gardnerella* y *bacilos gramnegativos curvos*; cada una de estas 3 categorías obtiene una calificación que se basa en la cantidad de bacterias contadas. Después, estas 3 puntuaciones se suman para obtener una puntuación total que oscila entre 0 y 10. La puntuación es la siguiente:

- 0-3: Negativo para VB
- 4-6: Intermedio

- 7+: Positivo para VB²⁷.

La puntuación de Nugent se emplea sobre todo en el campo de la investigación, ha mostrado una sensibilidad y especificidad del 89 % y del 83 %, respectivamente, pero rara vez se utiliza en la práctica clínica (Anexo 2)²⁴.

Técnicas moleculares

Reacción en cadena de la polimerasa en tiempo real multiplex (RT-PCR)

Actualmente, las pruebas de amplificación de ácidos nucleicos se utilizan ampliamente en el diagnóstico de trastornos vaginales y complementan los métodos de laboratorio “clásicos”, como los cultivos y el examen microscópico. Presentan varias ventajas sobre los estudios microbiológicos de rutina, como la capacidad de identificar una amplia gama de microorganismos, incluyendo bacterias difíciles de cultivar y bacterias anaerobias, virus y protozoos; además, permiten determinar el número y la proporción de microorganismos en la masa bacteriana total²⁸.

La VB se diagnostica por medio de la prueba molecular concreta de PCR cuantitativa en tiempo real (RT-PCR). Es una herramienta molecular cuantitativa, confiable y reproducible que detecta las bacterias que se encuentran en el biotopo vaginal de mujeres con esta infección.. Entre estas, pueden figurar *Atopobium vaginae* (*Fannyhessea vaginae*), *Megasphaera spp.*, *Mobiluncus spp.*, *G. vaginalis*, *BVAB2* y *Leptotrichia/Sneathia spp.* La prueba de RT-PCR se utiliza ampliamente porque la amplificación del ADN se puede observar en tiempo real, lo que elimina la necesidad de análisis posteriores a la amplificación y reduce la probabilidad de contaminación²⁸.

Dada la naturaleza polimicrobiana de la VB , es deseable amplificar más de una secuencia diana a la vez; por consiguiente, los ensayos de RT- PCR se están convirtiendo en un foco de investigación. La RT- PCR incluye conjuntos únicos de cebadores y sondas que se unen a regiones del gen del ARNr 16S para proporcionar una alternativa rápida y sencilla a los métodos que estiman el número de copias génicas o los niveles de expresión (Anexo 3)²⁹. Las diferentes especies bacterianas asociadas a la VB, cuando se analizan individualmente, presentan valores predictivos positivos variables en el diagnóstico de esta infección; esta técnica permite diagnosticar la VB con una sensibilidad del 90,5 % al 96,7 % y una

especificidad del 85,8 % al 95 % en comparación con los criterios de Amsel y el sistema de Nugent³⁰.

Hibridación fluorescente in situ (FISH)

Se ha empleado el ensayo FISH (hibridación fluorescente in situ) mediante la secuenciación del gen del ARNr 16S para la detección de biopelículas, lo que permite la detección precisa de la VB asociada y no asociada a biopelículas. Se detecta un gran número de copias de ARNr 16S ribosómico (10^3 – 10^5), características de *G.Vaginales.*, *F. vaginae*, *Bifidobacteriaceae*, especies de Lactobacilos y otras eubacterias. Las bacterias se analizan mediante un análisis multicolor utilizando sondas FISH teñidas con diferentes colorantes, lo que permite identificar especies específicas dentro de un entorno polimicrobiano; FISH es adecuado para el examen de frotis vaginales y muestras de orina, así como del endometrio, material de aborto o eyaculado³¹.

FISH combina la precisión de la genética molecular y la microscopía, lo que permite evaluar la relación entre las bacterias en su microambiente natural, como la biopelícula asociada a la VB; FISH es un método citogenético para la identificación de microorganismos específicos (bacterias, hongos levaduriformes y protozoos). La unión complementaria resultante (hibridación) de sondas de oligonucleótidos cortas (generalmente de 18 a 25 pares de bases) marcadas con fluorescencia con el ARN ribosómico de una célula intacta se analiza bajo un microscopio de fluorescencia³².

Paneles multiplex

Los recientes avances en el diagnóstico molecular, en particular los ensayos de PCR en tiempo real multiplex, han permitido la detección simultánea de múltiples patógenos vaginales con alta sensibilidad y especificidad, facilitando una evaluación etiológica más completa en mujeres sintomáticas. Además de mejorar la detección de patógenos, los ensayos moleculares permiten la evaluación semicuantitativa de patógenos de alto riesgo, que se han relacionado con la gravedad de los síntomas, la respuesta al tratamiento y el riesgo de recurrencia³³.

La VB e ITS están asociadas con una amplia gama de microorganismos, incluyendo bacterias, levaduras, protozoos y virus, como *Gardnerella vaginalis*, *Mycoplasma hominis*, *Mycoplasma genitalium*, *Candida albicans*, *Chlamydia trachomatis*, *Neisseria gonorrhoeae*, *Trichomonas vaginalis* y los *alfaherpesvirus*; de acuerdo con informes

previos, los estudios de PCR en tiempo real multiplex han resaltado la alta carga de infecciones mixtas, particularmente que involucran *G. vaginalis*, *Candida spp.* y *Mycoplasma spp.*, entre mujeres sintomáticas. Además, se ha informado ampliamente que características patógenas comunes como la formación de biopelículas por *G. vaginalis*, la disbiosis vaginal, las infecciones recurrentes por *Candida* y la creciente resistencia a los antimicrobianos y antifúngica contribuyen a la persistencia de la enfermedad y la complejidad clínica en la vaginitis, lo que proporciona un contexto de fondo importante para los enfoques de diagnóstico molecular³⁴.

Prueba de Amplificación de Ácidos Nucleicos (NAAT)

Las pruebas de amplificación de ácidos nucleicos (NAAT) son un método molecular que se utiliza para detectar el material genético (ADN o ARN) de microorganismos específicos con alta sensibilidad y especificidad. La NAAT amplifica pequeñas cantidades de ADN o ARN microbiano de una muestra, lo que facilita la detección de organismos que podrían pasar desapercibidos mediante cultivo o microscopía.³⁵ Se utilizan ampliamente en el diagnóstico de trastornos vaginales y complementan los métodos de laboratorio “clásicos”, como los cultivos y el examen microscópico. Presentan varias ventajas sobre los estudios microbiológicos de rutina, como la capacidad de identificar una amplia gama de microorganismos, incluyendo bacterias difíciles de cultivar, bacterias anaerobias, virus y protozoos; además, permiten determinar el número y la proporción de microorganismos en la masa bacteriana total³⁶.

Secuenciación 16S rNA

La secuencia del gen ARNr 16S es el marcador genético de mantenimiento más común para estudiar la filogenia y taxonomía bacteriana. Por lo tanto, la secuenciación del gen ARNr 16S tiene el potencial de identificar nuevas bacterias y diagnosticar enfermedades bacterianas³⁷. Las ventajas de esta técnica de biología molecular sobre las técnicas tradicionales incluyen una mayor sensibilidad, un ahorro de tiempo significativo y una mayor especificidad para la identificación de bacterias inusuales en cultivos³⁸. Sin embargo, esta secuenciación sigue siendo un procedimiento relativamente costoso y, sobre todo, laborioso, lo que hace imprescindibles alternativas más económicas y rápidas (Anexo 4)³⁹.

PCR con sondas fluorogénicas

La PCR con sondas fluorogénicas es una técnica de biología molecular que se utiliza para detectar y cuantificar material genético en tiempo real; esta técnica se basa en el uso de sondas marcadas con un fluoróforo, el cual emite señal luminosa durante la amplificación del ADN, permitiendo un seguimiento continuo del proceso. Estas sondas se unen específicamente a la secuencia diana y a medida que la ADN polimerasa avanza la sonda es degradada liberando la fluorescencia, por lo tanto, la intensidad de la señal es proporcional a la cantidad de ADN presente. Por su alta sensibilidad y especificidad, es un método que se ha convertido en una herramienta fundamental en el diagnóstico de infecciones, estudios microbiológicos y análisis clínicos avanzados⁴⁰.

Metagenómica shotgun

La secuenciación metagenómica de shotgun (SMS) ha surgido como un enfoque atractivo para caracterizar el microbioma vaginal. A diferencia de los métodos basados en 16S, los enfoques SMS no requieren amplificación y permiten la detección y cuantificación relativa de virus de ADN y eucariotas incluyendo el componente fúngico del microbioma, que se sabe que juega un papel importante en las comunidades microbianas vaginales. Sin embargo, los desafíos en el contexto de la caracterización del microbioma basada en SMS incluyen una alta fracción de ADN del huésped "contaminante"; mayores requisitos con respecto a la cantidad y calidad del ADN de entrada, que, dependiendo del enfoque de muestreo y el diseño del estudio, no siempre son fáciles de satisfacer; y mayores costos de secuenciación por muestra en comparación con los enfoques basados en 16S, al menos cuando se aplican enfoques SMS de alta cobertura⁴¹.

Metatranscriptómica RNA-seq

La metatranscriptómica representa un enfoque integral prometedor para identificar todos los microorganismos activos presentes en el entorno de respuesta inmune del huésped. En teoría, la metatranscriptómica podría diferenciarse de otros enfoques más específicos de reino al discriminar, en una sola prueba, virus y bacterias de ADN transcripcionalmente activos de microorganismos latentes, al tiempo que captura virus de ARN y ARN del huésped. En los últimos años, la metatranscriptómica también se ha aplicado directamente en la clínica, por ejemplo, para identificar microorganismos no detectados por los diagnósticos rutinarios y determinar su perfil de resistencia y genotipo⁴²; por lo tanto, la metatranscriptómica ofrece la oportunidad de lograr aplicaciones similares a los enfoques dirigidos a reinos específicos, con dos ventajas: una sola prueba y una visión general completa de la microbiota.

Femoflor

En los últimos años, la prueba Femoflor-16, de uso doméstico, se ha utilizado ampliamente para detectar condiciones disbióticas de la vagina. La prueba se basa en RT-PCR con la prueba de Pomothe se utiliza para determinar la concentración total de ADN bacteriano: la masa bacteriana total (MBM) y la concentración (absoluta y relativa) de los siguientes tipos de géneros de microorganismos:

- *Lactobacillus, Enterobacteriaceae*
- *Streptococcus, Staphylococcus*
- *Gardnerella vaginalis/Prevotella bivia/Porphyromonas*
- *Eubacterium*
- *Sneathia/Leptotrichia/Fusobacterium*
- *Megasphaera/Veillonella/Dialister*
- *Lachnobacterium/Clostridium*
- *Corynebacterium/Mobiluncus*
- *Peptostreptococcus*
- *Atopobium vaginae*⁴³

CAPÍTULO III. METODOLOGÍA

Tipo de investigación.

Según el enfoque: es cualitativo, ya que la investigación fue fundamentada en una revisión exhaustiva de los recursos bibliográficos; dicha información estaba relacionada con las técnicas moleculares para el diagnóstico de la VB. Esta revisión permitió analizar y comprender los conceptos clave, teorías, antecedentes y perspectivas futuras, relacionadas con la temática propuesta proporcionando una base sólida para el desarrollo del trabajo.

Según el nivel: es un estudio de tipo descriptivo, ya que se basó en un análisis definido de la información, misma que fue obtenida de diversas fuentes bibliográficas actualizadas, las cuales sirvieron de apoyo en la fundamentación teórica para describir las técnicas moleculares para el diagnóstico de VB.

Según el diseño: es de carácter documental y no experimental, puesto que se enfocó en la revisión de información extraída de bibliografía de los últimos 10 años sobre las técnicas

moleculares para el diagnóstico de VB, basándose en la información recopilada de estudios previos, sin manipular variables ni análisis estadísticos.

Según la secuencia temporal: es de corte transversal retrospectivo, ya que se llevó a cabo en un periodo específico de tiempo, desde el 2015 hasta el 2025 y se obtuvo un bloque único de resultados que incluyeron datos previamente recopilados en estudios sobre las técnicas moleculares en contraste con los métodos tradicionales para el diagnóstico de VB.

Según la cronología de los hechos: es de tipo retrospectivo, ya que la investigación analizó datos preexistentes en diferentes fuentes bibliográficas es decir disponibles antes de la investigación.

Población y muestra.

Población

La población en este trabajo de investigación fue adquirida a través de la aplicación de operadores booleanos y palabras claves, misma que quedo conformado por 80 artículos científicos que estaban vinculados con el diagnóstico molecular de la VB como; Medigraphic, Scielo, SEMERGEN, Elsevier, Google académico, ProQuest, Portales médicos, BMJ Journals, Crónicas Científicas, PubMed. Después, se revisaron los artículos teniendo en cuenta su relevancia temática, el año de publicación, la clase de estudio y si el texto completo estaba disponible.

Muestra

Después de aplicar los criterios de inclusión y exclusión previamente definidos, la muestra final consistió en 36 artículos científicos. La síntesis y el análisis de los resultados publicados en la literatura científica se pudieron llevar a cabo en base a la información recabada, que incluyó métodos basados en PCR, amplificación de ácidos nucleicos y análisis de la microbiota vaginal; estos estudios proporcionaron datos relevantes sobre las técnicas moleculares empleadas para diagnosticar la .VB

Criterios de inclusión y exclusión

Criterios de inclusión

- Estudios publicados entre 2015 y 2025.
- Investigaciones originales, artículos científicos y estudios observacionales.

- Publicaciones disponibles en texto completo.
- Artículos publicados en idioma español o inglés.
- Estudios realizados en humanos.

Criterios de exclusión

- Resúmenes de congresos, cartas al editor, editoriales o comentarios sin datos de investigación.
- Artículos duplicados en diferentes bases de datos.
- Estudios realizados en animales o modelos experimentales.

Métodos de estudio

El análisis de la información se llevó a cabo mediante un proceso de revisión, categorización y síntesis de los datos adquiridos en los artículos escogidos, después, los datos relevantes fueron dispuestos en tablas comparativas; este procedimiento facilitó la interpretación de los resultados y el establecimiento de conclusiones basadas en las evidencias científicas recolectadas.

Análisis cualitativo de contenido y síntesis comparativa de resultados

La interpretación de los resultados de las búsquedas bibliográficas y el análisis del contenido generaron información cualitativa.

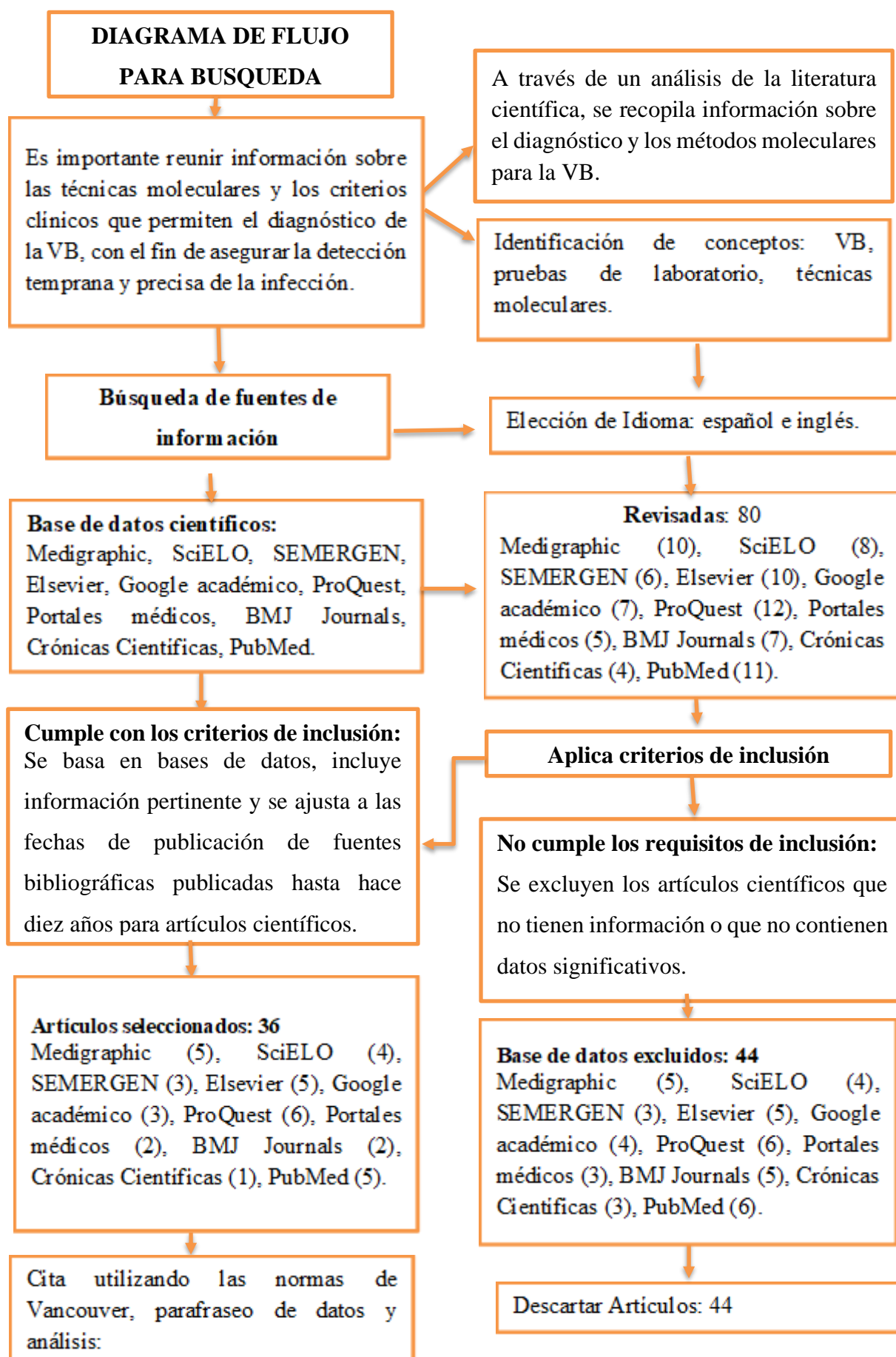
Técnicas y procedimientos

La observación fue el método utilizado, por lo que la metodología se centró en obtener, examinar y analizar de manera metódica fuentes de información científica, la finalidad era recopilar, estructurar y gestionar los datos desde una perspectiva descriptiva que permitiera integrar los hallazgos de forma coherente y fundamentada.

Consideraciones éticas

Este estudio se realizó de acuerdo con las normas éticas de la investigación científica. Como es una revisión bibliográfica, no se incluyó a personas directamente ni se manipularon muestras biológicas; por ende, no hubo peligro para la integridad o la salud de los seres humanos. Además, de acuerdo con las reglas de citación académica, se citaron apropiadamente todas las fuentes consultadas y se respetaron los derechos de autor y la propiedad intelectual de los trabajos. El proceso para la búsqueda de bibliografía y la selección de los artículos más importantes se ilustra en el siguiente diagrama de flujo.

Ilustración 1. Diagrama de estrategia de búsqueda



CAPÍTULO IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

A continuación, se describen los principales resultados y la discusión de estos en tablas categóricas:

Tabla 3. Técnicas moleculares utilizadas para el diagnóstico de Vaginitis Bacteriana

N°	Autor (Año)	Población (pacientes)	Técnicas moleculares	Utilidad diagnóstica
1	Hilbert et al. (2016) ⁴⁴	385	qPCR	Cuantificación precisa de bacterias asociadas a VB con alta sensibilidad y especificidad.
2	Oliveira et al.(2018) ⁴⁵	25	PCR-DGGE qPCR	Caracteriza la estructura de la microbiota vaginal Cuantifica bacterias patógenas
3	Muzny et al. (2018) ⁴⁶	42	Secuenciación 16S rRNA	Detecta cambios en la microbiota antes del desarrollo de VB.
4	Elnaggar et al. (2023) ⁴⁷	4	Metagenómica shotgun + qPCR	Analiza la dinámica de la microbiota antes de la aparición de VB.
5	Schwebke et al. (2018) ⁴⁸	1,740	PCR con sondas fluorogénicas	Supera la exactitud de los métodos tradicionales en términos diagnósticos.
6	Schwebke et al. (2020) ⁴⁹	120	NAAT (TMA)	Alta sensibilidad y especificidad en la detección de VB y coinfecciones.
7	Lillis et al. (2023) ⁵⁰	5	NAAT (Xpert Xpress MVP)	Diagnóstico rápido y preciso en el punto de atención.
8	Savicheva et al. (2023) ⁵¹	311	PCR en tiempo real multiplex (Femoflor)	Alta precisión diagnóstica
9	Amor et al. (2024) ⁴⁰	1011	qPCR	Diagnóstico rápido preciso
10	Van Der Pol et al. (2019) ⁵²	560	qPCR	Detección simultánea de ITS y vaginitis

11	Broache et al. (2021) ⁵³	489	qPCR	Mejora precisión y tratamiento oportuno
12	Vieira-Baptista et al. (2021) ⁵⁴	312	qPCR	Alta sensibilidad y especificidad
13	Usyk et al. (2022) ⁵⁵	123	Secuenciación 16S rRNA (NGS)	Clasificación molecular precisa
14	Savicheva et al. (2023) ⁵⁶	331	NAAT	Alternativa diagnóstica eficaz
15	Dos Santos et al. (2024) ⁵⁷	339	Metatranscriptómica (RNA-seq)	Análisis funcional microbioma
16	Virtanen et al. (2017) ⁵⁸	10	Secuenciación 16S rRNA	Comparabilidad de muestreo
17	Van Der Pol et al. (2025) ⁵⁹	45	PCR multiplex (NAAT)	Diagnóstico inmediato y confiable en entornos clínicos.
18	Durski et al. (2022) ⁶⁰	512	Secuenciación 16S rRNA	Permite caracterizar la microbiota vaginal con alta precisión.

qPCR= Reacción en cadena de la polimerasa cuantitativa en tiempo real; **PCR-DGGE**= Reacción en cadena de la polimerasa con electroforesis en gel con gradiente desnaturizante; **16S rRNA**= ARN ribosomal 16S; **NAAT**= Prueba de amplificación de ácidos nucleicos; **TMA**= Amplificación mediada por transcripción; **qRT-PCR**= PCR cuantitativa con retrotranscripción; **PCR multiplex**= amplificación simultánea de múltiples secuencias de ADN; **Xpert Xpress**= prueba molecular automatizada basada en NAAT; **cpn60**= gen que codifica la proteína chaperonina 60; **VB**= vaginosis bacteriana; **Metatranscriptómica (RNA-seq)**; **ITS**= infecciones de transmisión sexual.

Análisis y discusión

Los estudios revisados muestran una evolución en el diagnóstico de la VB, desde los métodos tradicionales hasta técnicas moleculares más precisas. En estudios como los de Hilbert et al. y Schwebke et al. se ha demostrado que la PCR, en sus distintas variantes, permite una cuantificación más exacta de las bacterias asociadas a VB, mejorando la

sensibilidad y especificidad frente a los métodos convencionales. Eso muestra una tendencia hacia la adopción de herramientas más objetivas y reproducibles en el diagnóstico clínico^{61, 48}.

Por otra parte, estudios como los de Oliveira et al. y Muzny et al. resaltan la aplicación de técnicas como la PCR-DGGE y la secuenciación 16S rRNA en la caracterización de la estructura de la microbiota vaginal^{45,46}. Estas metodologías no sólo identifican la presencia de microorganismos sino que también permiten observar los cambios dinámicos que ocurren con anterioridad al desarrollo de la enfermedad, lo cual aporta un valor predictivo importante⁴⁸. En la misma línea, Elnaggar et al. refuerzan esta idea al analizar la dinámica microbiana mediante metagenómica, evidenciando cómo las alteraciones en la microbiota preceden a la VB⁴⁷.

La utilidad diagnóstica de las pruebas basadas en la NAAT y de la qPCR ha sido confirmada como muy elevada por múltiples estudios. Investigaciones como las de Schwebke et al.⁴⁸, Lillis et al. y Van Der Pol et al. han demostrado que estas técnicas no solo permiten la detección de VB, sino también de coinfecciones, como infecciones de transmisión sexual, lo cual mejora el manejo clínico integral^{50, 59}. Amor et al. y Broache et al. también resaltan la rapidez y precisión de estos métodos, lo que permite llegar a un diagnóstico oportuno y realizar un tratamiento adecuado en menor tiempo^{40, 53}.

En cuanto a tecnologías más avanzadas, estudios como los realizados por Usyk et al. y Dos Santos et al. demuestran el aporte de la secuenciación de nueva generación y la metatranscriptómica^{55, 57}. Estas herramientas permiten no sólo identificar microorganismos sino conocer su actividad funcional, ampliando la visión desde una perspectiva meramente diagnóstica a una más integral de la VB.

Finalmente, investigaciones como la de Virtanen et al. brindan un aspecto metodológico importante al evidenciar que las variaciones en el muestreo tienen un efecto insignificante en los resultados, siendo los factores clínicos los que más influyen en la variabilidad microbiológica, estos resultados, sugieren que las técnicas moleculares son fiables y también consistentes entre diferentes escenarios, respaldando su uso creciente en la investigación y en la práctica clínica.⁵⁸

Tabla 4. Microorganismos asociados a Vaginosis Bacteriana identificados mediante técnicas moleculares.

N ^o	Autor (Año)	Población	Microorganismos identificados	Importancia diagnóstica	Técnica molecular utilizada
1	Munch et al. (2024) ⁶²	251	<i>Gardnerella vaginalis</i> ,	Principal agente asociado a VB	qPCR
2	Sabo et al. (2019) ⁶³	340	<i>Mageeibacillus indolicus</i>	Disbiosis vaginal	qPCR
3	Witkin et al. (2021) ⁶⁴	613	<i>Lactobacillus crispatus</i>	Disminución protectora	Secuenciación del gen 16S rRNA (región V1–V3)
4	Armstrong et al.(2022) ⁶⁵	123	<i>Lactobacillus iners</i> <i>Lactobacillus jensenii</i>	Alteración de la microbiota	NAAT
5	Hernández-Gómez et al. (2023) ⁶⁶	201	<i>Atopobium</i> + <i>Gardnerella vaginalis</i>	Anaerobio frecuente	AHC
6	Munch et al. (2024) ⁶⁷	251	<i>Gardnerella vaginalis</i>	Diversidad asociada a VB	qPCR
7	Zozaya et al. (2024) ⁶⁸	10	<i>Gardnerella vaginalis</i>	Transmisión sexual	Secuenciación 16S rDNA
8	Severgnini et al. (2022) ⁶⁹	61	<i>Gardnerella vaginalis</i>	Asociado a severidad VB	qPCR
9	Achilles et al. (2018) ⁷⁰	266	<i>Gardnerella vaginalis</i> <i>Atopobium vaginae</i> <i>Lactobacillus spp.</i>	Incremento VB asociado DIU	qPCR
10	Plummer et al. (2021) ⁷¹	121	Prevotella spp., Gardnerella spp.	Asociado a recurrencia VB	Secuenciación 16S rRNA

VB= Vaginosis Bacteriana; **DIU**= dispositivo intrauterino; **rRNA**= ARN ribosómico; **NAAT**= prueba de amplificación de ácidos nucleicos; **AHC**= métodos clínicos de Asmel; **qPCR**= reacción en cadena de la polimerasa cuantitativa en tiempo real.

Análisis y discusión

El análisis de los estudios evidencia que la VB puede atribuirse a un único microorganismo, sino a una alteración compleja de la microbiota vaginal. *Gardnerella vaginalis* es uno de los principales agentes implicados, como señalan Munch et al. pero no es el único responsable de la enfermedad, sino que su importancia se basa en la diversidad y coexistencia con otros microorganismos. Este descubrimiento apoya la idea de que la VB es más un estado de disbiosis que una infección tradicional producida por un solo patógeno^{57,62}.

En esta situación, aparecen otros microorganismos que pasan a tener importancia en el desequilibrio vaginal. Sabo et al. describen a *Mageeibacillus indolicus* como un marcador de disbiosis, mientras que Hernández-Gómez et al. resaltan que la relación entre *Atopobium* y *Gardnerella vaginalis* es un patrón que se repite con frecuencia en los medios anaerobios típicos de VB. Estos resultados indican que la interacción entre bacterias anaerobias favorece el desarrollo de la enfermedad, más allá de la presencia de cada especie por sí sola^{58,61}.

Por otro lado, los estudios que analizan bacterias beneficiosas muestran un papel protector importante. La disminución de *Lactobacillus crispatus* está asociada a pérdida de protección vaginal, como lo demuestran Witkin y et al. y Armstrong et al. evidencian alteraciones en especies como *Lactobacillus iners* y *Lactobacillus jensenii*. Esto significa que no sólo cuenta la presencia de bacterias patógenas, sino también la disminución de microorganismos protectores, lo que propicia el desequilibrio microbiológico^{59,60}.

Algunos estudios proporcionan también información sobre factores asociados a la aparición y transmisión de la VB. Zozaya et al. plantean la posibilidad de una transmisión sexual de bacterias asociadas, lo cual amplía el entendimiento epidemiológico de la enfermedad⁶³. Por otro lado, Achilles et al. demuestran que el uso de dispositivos intrauterinos puede propiciar el aumento de bacterias vinculadas con VB, sugiriendo que factores externos también afectan a la dinámica de la microbiota vaginal.⁶⁵

En conclusión, la repetición de la VB es un elemento clave en su tratamiento clínico. La persistencia de microorganismos como *Gardnerella* y *Prevotella* está vinculada a las recaídas después del tratamiento, según han demostrado Plummer et al, esto señala que los tratamientos actuales podrían no ser suficientemente efectivos para lograr la restauración total del equilibrio microbiológico⁶⁶, entonces estos resultados muestran que la VB es una

condición multifactorial, en la que su aparición, persistencia y recurrencia dependen de la interacción entre microorganismos, elementos del huésped y otros factores externos.

Tabla 5. Comparación de la sensibilidad y especificidad de las técnicas moleculares frente a los métodos diagnósticos tradicionales en la detección de la Vaginosis Bacteriana.

Nº	Autor (Año)	Población	Técnica molecular vs Técnica convencional	Sensibilidad y especificidad (comparadas)
1	Pinto et al. (2023) ⁷²	1,359,289	NAAT Métodos clínicos/microscopía	Mayor frecuencia de detección y co-testeo (71% vs 23%).
2	Hilbert et al. (2016) ⁴⁴	385	qPCR Criterios de Amsel Puntuación de Nugent	S: 92% E: 95%
3	Schwebke et al. (2019) ⁷³	48	NAAT Nugent + Amsel, cultivo y secuenciación	S: 95.0% E: 89.6%
4	Lillis et al. (2023) ⁵⁰	5	NAAT BD MAX Vaginal Panel	S:93.6–99.0% E: 92.1–99.8%.
5	Melo et al. (2021) ⁷⁴	125	PCR + evaluación microbiota (Gram) Diagnóstico clínico (matronas)	Baja concordancia (Kappa 0.14–0.22).
6	Huertas Fernández et al. (2023) ⁷⁵	42	PCR Test rápido de antígenos Tinción de Gram (criterios de Nugent)	Sensibilidad y especificidad >90%
7	Challa et al. (2022) ⁷⁶	404	PCR Criterios de Amsel / Nugent	S: 71.8–88.2% E: 78.2–90.1%
8	Gaydos et al. (2017) ⁷⁷	1740	PCR Nugent, Amsel, cultivo, microscopía	S: 90.5–93.1% E: 85.8–99.3%

NAAT = Prueba de amplificación de ácidos nucleicos; **PCR** = Reacción en cadena de la polimerasa; **qPCR** = PCR cuantitativa; **qRT-PCR** = PCR con retrotranscripción; 16S rRNA = ARN ribosomal 16; **S**= sensibilidad; **E**= especificidad.

Análisis y discusión

El análisis de los estudios muestra una diferencia consistente entre los métodos moleculares y los convencionales en el diagnóstico de VB. En el estudio de Pinto et al. se observó que el uso de NAAT proporciona una mayor frecuencia de detección y de co-testaje (71% frente a 23%) en comparación con los métodos clínicos y de microscopía, lo que sugiere una mayor capacidad para identificar casos incluso en situaciones en las que la VB puede pasar desapercibida. Esto refuerza la idea de que las técnicas moleculares amplían la cobertura del diagnóstico⁶⁷.

En cuanto a la precisión diagnóstica, trabajos como los de Hilbert et al. y Schwebke et al. demuestran que tanto la qPCR como la NAAT alcanzan niveles elevados de sensibilidad y especificidad. En concreto, Hilbert y cols. obtuvieron valores del 92% y del 95%, respectivamente, y Schwebke et al. hallaron una sensibilidad todavía mayor (95,0%) aunque con una ligera disminución de la especificidad (89,6%). Esto indica que las técnicas moleculares son muy eficaces para la detección de VB, pero que pueden variar según las técnicas de referencia que se utilicen en combinación^{38,68}.

Por otro lado, el panel vaginal BD MAX que fue analizado por Lillis et al. mostró una sensibilidad (que varía entre 93,6 y 99,0 %) y una especificidad (que oscila entre 92,1 y 99,8 %), lo que señala un diagnóstico altamente exacto, situando a los paneles moleculares como instrumentos confiables que no solamente detectan la VB, sino también otras infecciones concurrentes, lo que mejora el enfoque clínico integral⁴⁴.

En contraste, los métodos clínicos tradicionales presentan limitaciones importantes. Melo et al. demuestran que el diagnóstico por personal clínico sin el apoyo de técnicas moleculares presenta una baja concordancia (Kappa 0.14–0.22) con un alto riesgo de sobre o subdiagnóstico⁶⁹. Asimismo, si bien técnicas como la tinción de Gram y los test rápidos pueden alcanzar en algunos casos sensibilidades y especificidades superiores al 90%, como lo reportan Huertas Fernández et al., su rendimiento puede variar según el microorganismo evaluado y la experiencia del observador⁷⁰.

Por último, estudios como los de Challa et al. y Gaydos et al. demuestran que los métodos moleculares superan a los convencionales en precisión global^{71,72}. Gaydos y cols. 72 hallaron una sensibilidad del 90,5-93,1% y una especificidad hasta del 99,3%, lo que indica un alto

valor diagnóstico. En su conjunto, estos hallazgos permiten concluir que, si bien los métodos tradicionales continúan teniendo valor en determinadas situaciones, las técnicas moleculares constituyen en la actualidad la opción más precisa, reproducible y completa para el diagnóstico de la VB, lo que favorece a que se tomen decisiones clínicas más oportunas y eficaces.

CAPÍTULO V. CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES

- Las técnicas moleculares utilizadas en el diagnóstico de la VB han demostrado ser métodos de alta precisión y reproducibilidad y con una mayor capacidad de detección que los métodos tradicionales. La qPCR permite en particular cuantificar la carga bacteriana y detectar microorganismos específicos aun a bajas concentraciones, lo cual permite evaluar de forma más precisa el grado de disbiosis, y las pruebas basadas en NAAT se caracterizan por su alta sensibilidad y especificidad y por su capacidad para identificar múltiples patógenos y coinfecciones al mismo tiempo. El conjunto de técnicas no sólo permite una mejor identificación de los agentes implicados, sino que también optimiza el abordaje clínico al disminuir la subjetividad asociada a métodos como Amsel o Nugent, lo cual favorece a la obtención de resultados más consistentes. Por ello, su aplicación supone un avance significativo en el diagnóstico de la VB, por lo que se recomienda su incorporación progresiva a la práctica clínica, especialmente en casos recurrentes o de difícil diagnóstico, así como la mejora de su acceso en los sistemas de salud con recursos limitados.
- Las técnicas moleculares de detección de microorganismos relacionados con la VB demuestran que esta condición no es provocada por un solo agente, sino que se debe a un desequilibrio complejo de la microbiota vaginal. En este sentido, técnicas como la qPCR y la secuenciación del gen ARNr 16S han demostrado una mayor precisión diagnóstica para la identificación de microorganismos, ya que permiten detectar bacterias predominantes, así como especies menos abundantes, incluso en bajas concentraciones. También, técnicas como la NAAT complementan este diagnóstico, permitiendo detectar simultáneamente múltiples patógenos. Se mantiene como un microorganismo importante la *Gardnerella vaginalis*, pero la interacción con otros como *Atopobium*, *Prevotella* y la disminución de *Lactobacillus spp.* es determinante en la patogénesis. Asimismo, la diversidad bacteriana y la coexistencia de múltiples especies se relacionan con mayor severidad y recurrencia, reforzando el concepto de

disbiosis en lugar de infección aislada. Por ello se recomienda considerar perfiles microbiológicos completos en el diagnóstico y tratamiento, así como impulsar el desarrollo de terapias dirigidas que permitan restaurar el equilibrio de la microbiota y no solo eliminar patógenos.

- Al contrastar los métodos diagnósticos tradicionales con las técnicas moleculares, se nota que estas últimas tienen una sensibilidad y especificidad más alta, alcanzando en la mayor parte de las investigaciones más del 90% en ambas variables; en cambio, los métodos clínicos y de microscopía son menos concordantes y presentan variabilidad, lo cual puede generar fallos en el diagnóstico, pues los paneles moleculares son especialmente reconocidos por su exactitud y por la habilidad de detectar varios patógenos al mismo tiempo, lo cual posibilita obtener un diagnóstico más fiable y proporciona un tratamiento más a tiempo, entonces se sugiere priorizar el uso de métodos moleculares para detectar la VB, especialmente en contextos clínicos difíciles, además, es esencial formar a los profesionales sanitarios para que puedan interpretar estos descubrimientos y así optimizar la toma de decisiones clínicas.

BIBLIOGRAFÍA

1. Abou Chacra L, Fenollar F, Diop K. Bacterial Vaginosis: What Do We Currently Know? *Front Cell Infect Microbiol.* 18 de enero de 2022;11:672429. doi:10.3389/fcimb.2021.672429
2. Savicheva AM, Krysanova AA, Budilovskaya OV, Spasibova EV, Khusnutdinova TA, Shalepo KV, et al. Vaginal Microbiota Molecular Profiling in Women with Bacterial Vaginosis: A Novel Diagnostic Tool. *Int J Mol Sci.* 1 de noviembre de 2023;24(21):15880. doi:10.3390/ijms242115880
3. Oyenihi AB, Haines R, Trama J, Faro S, Mordechai E, Adelson ME, et al. Molecular Characterization of Vaginal Microbiota Using a New 22-Species qRT-PCR Test to Achieve a Relative-abundance and Species-based Diagnosis of Bacterial Vaginosis [Internet]. *Microbiology*; 2024 [citado 15 de marzo de 2026]. Disponible en: <http://biorxiv.org/lookup/doi/10.1101/2024.03.18.585539> doi:10.1101/2024.03.18.585539
4. González-Mustri KV, Guerra-Infante FM, Villeda-Rangel G, López-Hurtado M. Frecuencia y detección molecular de *Gardnerella vaginalis* en una institución de tercer nivel. *Rev Perinatol Reprod Humana.* 15 de febrero de 2024;37(3):12520. doi:10.24875/PER.23000020
5. Merchán-Villafuerte K, León-Granadillo A, Valero-Cedeño N, Quiroz-Villafuerte V. Vaginosis bacteriana en mujeres ecuatorianas en edad reproductiva: epidemiología y efectividad de los criterios diagnósticos. *Dominio De Las Ciencias* [Internet]. 2020;6(1). Disponible en: <https://dialnet.unirioja.es/servlet/articulo?codigo=7542639>
6. 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. *Rev Mex Med Reprod* [Internet]. 2025;16. Disponible en: <https://www.reproduccion.org.mx/articulo/pstrongprevalencia-de-la-microbiota-vaginal-y-endocervical-detectada-por-qpcrnbsp-en-mujeres-que-acuden-a-una-cliacutenica-de-ginecologiacutea-y-reproduccioacuten-asistidastrongp-pprevalence-of-vaginal-and-endocervical-microbiota-as-detected-by-qpcr-in-women-attending-a-gynaecology-and-assisted-repr>
7. Robalino Flores X del R, Freire Aldas MF, Tibalombo Chela LP. Pruebas de laboratorio en el diagnóstico de infecciones bacterianas en adolescentes embarazadas. [Tesis de grado] [Internet]. [Riombamba]: Universidad Nacional de Chimborazo; 2024. Disponible en: <http://dspace.unach.edu.ec/handle/51000/12879>

8. Abou Chacra L, Drouet H, Ly C, Bretelle F, Fenollar F. Evaluation of Various Diagnostic Strategies for Bacterial Vaginosis, Including a New Approach Based on MALDI-TOF Mass Spectrometry. *Microorganisms*. 5 de enero de 2024;12(1):111. doi:10.3390/microorganisms12010111
9. Savicheva AM. Molecular Testing for the Diagnosis of Bacterial Vaginosis. *Int J Mol Sci*. 28 de diciembre de 2023;25(1):449. doi:10.3390/ijms25010449
10. Muzny CA, Cerca N, Elnaggar JH, Taylor CM, Sobel JD, Van Der Pol B. State of the Art for Diagnosis of Bacterial Vaginosis. Humphries RM, editor. *J Clin Microbiol*. 18 de mayo de 2023;e00837-22. doi:10.1128/jcm.00837-22
11. Tosado-Rodríguez E, Alvarado-Vélez I, Romaguera J, Godoy-Vitorino F. Vaginal Microbiota and HPV in Latin America: A Narrative Review. *Microorganisms*. 20 de marzo de 2024;12(3):619. doi:10.3390/microorganisms12030619
12. Merchán Villafuerte KM, Quiroz Villafuerte VM, Álava Villafuerte MJ, Pin Pin Á. La Vaginosis Bacteriana, un intruso muy común en la mujer. *RECIMUNDO*. 22 de diciembre de 2017;1(5):702-14. doi:10.26820/recimundo/1.5.2017.702-714
13. Castro Castrillo C, Duarte Artavia C. Vaginosis Bacteriana. El Rol de *Atopobium Vaginae* y otras Bacterias Anaerobias. *Cienc Lat Rev Científica Multidiscip*. 10 de abril de 2025;9(2):1831-41. doi:10.37811/cl_rcm.v9i2.17016
14. Salas Morgan JP, Angulo Moya LC, Garita Mendez E. Vaginosis Bacteriana – Actualización y novedad terapéutica. *Rev Cienc Salud Integrando Conoc*. 3 de enero de 2022;5(6). doi:10.34192/cienciaysalud.v5i6.387
15. Naidelyn Nayeli PM, María Belen DC, Hoppe Ariana Z, Teresa Isabel VC. Etiología de las infecciones vaginales en mujeres de 18 a 40 años atendidas en el Centro de Salud Jipijapa. *Rev Científica Salud BIOSANA*. 6 de agosto de 2025;5(4):59-68. doi:10.62305/biosana.v5i4.715
16. Abbe C, Mitchell CM. Bacterial vaginosis: a review of approaches to treatment and prevention. *Front Reprod Health*. 31 de mayo de 2023;5:1100029. doi:10.3389/frph.2023.1100029
17. Hathor, Clínica Sexológica., Espitia-De La Hoz FJ. Vaginosis bacteriana: prevalencia y factores de riesgo asociados en mujeres no gestantes en el Quindío, Colombia, 2017 – 2023. *Rev Obstet Ginecol Venezuela*. 17 de septiembre de 2025;85(3):381-90. doi:10.51288/00850310

18. Morelli Martinez I, Gamboa Miranda S. Vaginosis bacteriana en el embarazo: últimos avances hasta la fecha. *Rev Medica Sinerg.* 1 de julio de 2022;7(7):e838. doi:10.31434/rms.v7i7.838
19. Universidad Militar Nueva Granada. Bogotá Colombia, Espitia De La Hoz FJ. Bacterial vaginosis: Treatment of the male partner, ¿myth or reality? Update 2023. *Rev Obstet Ginecol Venezuela.* 3 de agosto de 2023;83(03):326-38. doi:10.51288/00830312
20. Espitia De La Hoz. FJ. Efecto de la terapia combinada en la vaginosis bacteriana recurrente en mujeres del Eje Cafetero, Colombia. *Rev Obstet Ginecol Venezuela.* 23 de febrero de 2023;83(01):18-27. doi:10.51288/00830105
21. Romero-Morelos P, Bandala C, Jiménez-Tenorio J, Valdespino-Zavala M, Rodríguez-Esquivel M, Gama-Ríos RA, et al. Bacterias relacionadas con vaginosis bacteriana y su asociación a la infección por virus del papiloma humano. *Med Clínica.* enero de 2019;152(1):1-5. doi:10.1016/j.medcli.2018.01.027
22. Romero Herrero D, Andreu Domingo A. Vaginosis bacteriana. *Enfermedades Infecc Microbiol Clínica.* julio de 2016;34:14-8. doi:10.1016/S0213-005X(16)30214-2
23. Fecolsog F. Trabajos ganadores presentados en el XXX Congreso Nacional de Obstetricia y Ginecología realizado del 25 al 28 de mayo de 2016 en Cali (Colombia). *Rev Colomb Obstet Ginecol.* 30 de junio de 2016;67(2):159. doi:10.18597/rcog.382
24. Merchán-Villafuerte KM, León-Granadillo A, Rojas-Cabeza ME, Lagos-Ruiz NA, Valero-Cedeño N. Aplicación de los criterios de Amsel y Nugent en Mujeres ecuatorianas con vaginosis bacteriana. *Polo del conocimiento [Internet].* 2020;5(6). Disponible en: <https://polodelconocimiento.com/ojs/index.php/es/article/view/2010>
25. Salas Morgan JP, Angulo Moya LC, Garita Mendez E. Vaginosis Bacteriana – Actualización y novedad terapéutica. *Rev Cienc Salud Integrando Conoc.* 3 de enero de 2022;5(6). doi:10.34192/cienciaysalud.v5i6.387
26. Padilla-López MM, Bermúdez-Salazar MG, Rodríguez-Delgado RG, Mejía-Ávalos AM, Guerra-Infante FM, López-Hurtado M. Evaluación de la puntuación de Nugent intermedia en la vaginosis. *Rev Perinatol Reprod Humana.* 27 de noviembre de 2025;39(1):17253. doi:10.24875/PER.25000001
27. Cabezas Tunja KJ, Zambrano Macías C. Factores de riesgo asociados a la vulvovaginitis en mujeres de edad reproductiva. *Rev Científica Arbitr Multidiscip PENTACIENCIAS.* 4 de marzo de 2023;5(3):167-82. doi:10.59169/pentaciencias.v5i3.531

28. Escobedo-Guerra MR, López-Hurtado M, Gutiérrez-Trujillo R, Bustos-López AD, Guerra-Infante FM. PCR múltiplex para el diagnóstico de microorganismos atípicos transmitidos sexualmente. *Rev Perinatol Reprod Humana*. 15 de febrero de 2024;37(3):12522. doi:10.24875/PER.23000024
29. García LT, Luna LJ, Velasco TK, Guerra BE. A new multiplex PCR for species-specific diagnosis of human candidiasis. *Biomédica*. 1 de junio de 2017;37(2). doi:10.7705/biomedica.v37i2.3202
30. Romero Viamonte V, Ulloa Castro A. Técnica de PCR-multiplex como método diagnóstico de infecciones de transmisión sexual. *Revista Cubana de Obstetricia y Ginecología*. 2016;42(4).
31. Ávila Huerta M, Morales Narváez E. Innovador biosensor aplicado a la detección de la vaginosis bacteriana. 2023.
32. Savicheva AM. Molecular Testing for the Diagnosis of Bacterial Vaginosis. *Int J Mol Sci*. 28 de diciembre de 2023;25(1):449. doi:10.3390/ijms25010449
33. Escobedo-Guerra MR, López-Hurtado M, Gutiérrez-Trujillo R, Bustos-López AD, Guerra-Infante FM. PCR múltiplex para el diagnóstico de microorganismos atípicos transmitidos sexualmente. *Rev Perinatol Reprod Humana*. 15 de febrero de 2024;37(3):12522. doi:10.24875/PER.23000024
34. Espitia FDLH. Síndrome de flujo vaginal (vaginitis / vaginosis): Actualización diagnóstica y terapéutica: Vaginal discharge syndrome (vaginitis / vaginosis): diagnostic and therapeutic update. *Rev Peru Investig Materno Perinat*. 19 de julio de 2021;10(2):42-55. doi:10.33421/inmp.2021224
35. Rodríguez-Granger J, Espadafor López B, Cobo F, Blasco Morente G, Sampedro Martínez A, Tercedor Sánchez J, et al. Actualización en el diagnóstico de las infecciones de transmisión sexual. *Actas Dermo-Sifiliográficas*. noviembre de 2020;111(9):711-24. doi:10.1016/j.ad.2019.05.008
36. Espitia-de La Hoz FJ. Vaginosis citolítica: actualización diagnóstica y terapéutica. *Rev Chil Obstet Ginecol*. 19 de diciembre de 2023;88(6):12249. doi:10.24875/RECHOG.23000056
37. Li MN, Han Q, Wang N, Wang T, You XM, Zhang S, et al. 16S rRNA gene sequencing for bacterial identification and infectious disease diagnosis. *Biochem Biophys Res Commun*. diciembre de 2024;739:150974. doi:10.1016/j.bbrc.2024.150974

38. Papa Mze N, Fernand-Laurent C, Maxence S, Zanzouri O, Daugabel S, Marque Juillet S. Optimization of 16S RNA Sequencing and Evaluation of Metagenomic Analysis with Kraken 2 and KrakenUniq. *Diagnostics*. 27 de agosto de 2025;15(17):2175. doi:10.3390/diagnostics15172175
39. Singer M, Koedooder R, Bos MP, Poort L, Schoenmakers S, Savelkoul PHM, et al. The profiling of microbiota in vaginal swab samples using 16S rRNA gene sequencing and IS-pro analysis. *BMC Microbiol*. diciembre de 2021;21(1):100. doi:10.1186/s12866-021-02149-7
40. Amor I, Alberola A, De Salazar A, Viñuela L, Úbeda-Portugués S, Galán MI, et al. Evaluation of the Vaginal Panel Realtime PCR kit (Vircell, SL) for diagnosing vaginitis: A comparative study with routinely used diagnostics. Bruisten SM, editor. *PLOS ONE*. 6 de noviembre de 2024;19(11):e0313414. doi:10.1371/journal.pone.0313414
41. Graeber E, Tysha A, Nisar A, Wind D, Mendling W, Finzer P, et al. Shallow shotgun metagenomic sequencing of vaginal microbiomes with the Oxford Nanopore technology enables the reliable determination of vaginal community state types and broad community structures. *BMC Microbiol*. 25 de agosto de 2025;25(1):544. doi:10.1186/s12866-025-04236-5
42. Destras G, Sabatier M, Bal A, Simon B, Semanas Q, Regue H, et al. Comparison between metatranscriptomics and viral metagenomics, 16S, and host transcriptomics for comprehensive profiling of the respiratory microbiome and host response. *Front Microbiol*. 7 de enero de 2026;16:1685035. doi:10.3389/fmicb.2025.1685035
43. Shamsieva, Negmadjanov. Study of Femoflor-16 for Evaluation of Vaginal Microbiocenosis in Women with Inflammatory Diseases of the Genitals. *American Journal of Medicine and Medical Sciences* [Internet]. 2023;13(2). Disponible en: <http://article.sapub.org/10.5923.j.ajmms.20231303.17.html>
44. <https://doi.org/10.1128/jcm.03104-15>. DW, Smith WL, Chadwick SG, Toner G, Mordechai E, Adelson ME, et al. Development and Validation of a Highly Accurate Quantitative Real-Time PCR Assay for Diagnosis of Bacterial Vaginosis. Onderdonk AB, editor. *J Clin Microbiol*. abril de 2016;54(4):1017-24. doi:10.1128/JCM.03104-15
45. Oliveira LMA, Diniz CG, Fernandes AAS, Souza-Sotte DMK, Freitas MCR, Machado ABF, et al. Assessment of vaginal microbiota in Brazilian women with and without bacterial vaginosis and comparison with Nugent score. *J Infect Dev Ctries*. 28 de febrero de 2018;12(02):127-36. doi:10.3855/jidc.9532

46. Muzny CA, Blanchard E, Taylor CM, Aaron KJ, Talluri R, Griswold ME, et al. Identification of Key Bacteria Involved in the Induction of Incident Bacterial Vaginosis: A Prospective Study. *J Infect Dis.* 25 de mayo de 2018. doi:10.1093/infdis/jiy243
47. Elnaggar JH, Lammons JW, Taylor CM, Toh E, Ardizzone CM, Dong A, et al. Characterization of Vaginal Microbial Community Dynamics in the Pathogenesis of Incident Bacterial Vaginosis, a Pilot Study. *Sex Transm Dis.* agosto de 2023;50(8):523-30. doi:10.1097/OLQ.0000000000001821
48. Schwebke JR, Gaydos CA, Nyirjesy P, Paradis S, Kodsi S, Cooper CK. Diagnostic Performance of a Molecular Test versus Clinician Assessment of Vaginitis. Munson E, editor. *J Clin Microbiol.* junio de 2018;56(6):e00252-18. doi:10.1128/JCM.00252-18
49. Schwebke JR, Taylor SN, Ackerman R, Schlaberg R, Quigley NB, Gaydos CA, et al. Clinical Validation of the Aptima Bacterial Vaginosis and Aptima *Candida/Trichomonas* Vaginitis Assays: Results from a Prospective Multicenter Clinical Study. Onderdonk AB, editor. *J Clin Microbiol.* 28 de enero de 2020;58(2):e01643-19. doi:10.1128/JCM.01643-19
50. Lillis RA, Parker RL, Ackerman R, Ackerman J, Young S, Weissfeld A, et al. Clinical Evaluation of a New Molecular Test for the Detection of Organisms Causing Vaginitis and Vaginosis. Munson E, editor. *J Clin Microbiol.* 23 de marzo de 2023;61(3):e01748-22. doi:10.1128/jcm.01748-22
51. Savicheva AM, Krysanova AA, Budilovskaya OV, Spasibova EV, Khusnutdinova TA, Shalepo KV, et al. Vaginal Microbiota Molecular Profiling in Women with Bacterial Vaginosis: A Novel Diagnostic Tool. *Int J Mol Sci.* 1 de noviembre de 2023;24(21):15880. doi:10.3390/ijms242115880
52. Van Der Pol B, Daniel G, Kodsi S, Paradis S, Cooper CK. Molecular-based Testing for Sexually Transmitted Infections Using Samples Previously Collected for Vaginitis Diagnosis. *Clin Infect Dis.* 18 de enero de 2019;68(3):375-81. doi:10.1093/cid/ciy504
53. Broache M, Cammarata CL, Stonebraker E, Eckert K, Van Der Pol B, Taylor SN. Performance of a Vaginal Panel Assay Compared With the Clinical Diagnosis of Vaginitis. *Obstet Gynecol.* diciembre de 2021;138(6):853-9. doi:10.1097/AOG.0000000000004592
54. Vieira-Baptista P, Silva A, Costa M, Aguiar T, Saldanha C, Sousa C. Clinical validation of a new molecular test (Seegene AllplexTM Vaginitis) for the diagnosis of vaginitis: a cross-sectional study. *BJOG Int J Obstet Gynaecol.* julio de 2021;128(8):1344-52. doi:10.1111/1471-0528.16661

55. Usyk M, Schlecht NF, Pickering S, Williams L, Sollecito CC, Gradissimo A, et al. molBV reveals immune landscape of bacterial vaginosis and predicts human papillomavirus infection natural history. *Nat Commun.* 11 de enero de 2022;13(1):233. doi:10.1038/s41467-021-27628-3
56. Savicheva AM, Krysanova AA, Budilovskaya OV, Spasibova EV, Khusnutdinova TA, Shalepo KV, et al. Vaginal Microbiota Molecular Profiling in Women with Bacterial Vaginosis: A Novel Diagnostic Tool. *Int J Mol Sci.* 1 de noviembre de 2023;24(21):15880. doi:10.3390/ijms242115880
57. Dos Santos SJ, Copeland C, Macklaim JM, Reid G, Gloor GB. Vaginal metatranscriptome meta-analysis reveals functional BV subgroups and novel colonisation strategies. *Microbiome.* 21 de diciembre de 2024;12(1):271. doi:10.1186/s40168-024-01992-w
58. Virtanen S, Kalliala I, Nieminen P, Salonen A. Comparative analysis of vaginal microbiota sampling using 16S rRNA gene analysis. Fredricks DN, editor. *PLOS ONE.* 19 de julio de 2017;12(7):e0181477. doi:10.1371/journal.pone.0181477
59. Van Der Pol B, Lillis R, Nachamkin I, Young S, Crane L, Brown J, et al. Evaluation of the user experience for a point of care molecular test for causes of vaginitis. *BMC Infect Dis.* 2 de agosto de 2025;25(1):975. doi:10.1186/s12879-025-11304-8
60. Durski M, Ravel J, Spautz ACPG, Carvalho NS, Silva MG, Marconi C. Comparison of two microscopic interpretations of vaginal microbiota with molecular profiling. *Diagn Microbiol Infect Dis.* septiembre de 2022;104(1):115728. doi:10.1016/j.diagmicrobio.2022.115728
61. Hilbert DW, Smith WL, Chadwick SG, Toner G, Mordechai E, Adelson ME, et al. Development and Validation of a Highly Accurate Quantitative Real-Time PCR Assay for Diagnosis of Bacterial Vaginosis. Onderdonk AB, editor. *J Clin Microbiol.* abril de 2016;54(4):1017-24. doi:10.1128/JCM.03104-15
62. Munch MM, Strenk SM, Srinivasan S, Fiedler TL, Proll S, Fredricks DN. *Gardnerella* Species and Their Association With Bacterial Vaginosis. *J Infect Dis.* 25 de julio de 2024;230(1):e171-81. doi:10.1093/infdis/jiae026
63. Sabo MC, Balkus JE, Richardson BA, Srinivasan S, Kimani J, Anzala O, et al. Association between vaginal washing and vaginal bacterial concentrations. Jaspan HB, editor. *PLOS ONE.* 24 de enero de 2019;14(1):e0210825. doi:10.1371/journal.pone.0210825

64. Witkin SS, Moron AF, Linhares IM, Forney LJ. Influence of *Lactobacillus crispatus*, *Lactobacillus iners* and *Gardnerella vaginalis* on bacterial vaginal composition in pregnant women. *Arch Gynecol Obstet.* agosto de 2021;304(2):395-400. doi:10.1007/s00404-021-05978-z
65. Armstrong E, Hemmerling A, Miller S, Burke KE, Newmann SJ, Morris SR, et al. Metronidazole treatment rapidly reduces genital inflammation through effects on bacterial vaginosis-associated bacteria rather than lactobacilli. *J Clin Invest.* 15 de marzo de 2022;132(6):e152930. doi:10.1172/JCI152930
66. Hernández-Gómez HJ, Canul-Reich J, Hernández-Ocaña B, De La Cruz Hernández E. An agglomerative hierarchical clustering approach to identify coexisting bacteria in groups of bacterial vaginosis patients. *Intell Data Anal.* 18 de mayo de 2023;27(3):583-611. doi:10.3233/IDA-216488
67. Munch MM, Strenk SM, Srinivasan S, Fiedler TL, Proll S, Fredricks DN. *Gardnerella* Species and Their Association With Bacterial Vaginosis. *J Infect Dis.* 25 de julio de 2024;230(1):e171-81. doi:10.1093/infdis/jiae026
68. Zozaya M, Ferris MJ, Siren JD, Lillis R, Myers L, Nsuami MJ, et al. Bacterial communities in penile skin, male urethra, and vaginas of heterosexual couples with and without bacterial vaginosis. *Microbiome.* diciembre de 2016;4(1):16. doi:10.1186/s40168-016-0161-6
69. Severgnini M, Morselli S, Camboni T, Ceccarani C, Salvo M, Zagonari S, et al. *Gardnerella vaginalis* clades in pregnancy: New insights into the interactions with the vaginal microbiome. Bruisten SM, editor. *PLOS ONE.* 14 de junio de 2022;17(6):e0269590. doi:10.1371/journal.pone.0269590
70. Achilles SL, Austin MN, Meyn LA, Mhlanga F, Chirenje ZM, Hillier SL. Impact of contraceptive initiation on vaginal microbiota. *Am J Obstet Gynecol.* junio de 2018;218(6):622.e1-622.e10. doi:10.1016/j.ajog.2018.02.017
71. Plummer EL, Sfameni AM, Vodstrcil LA, Danielewski JA, Murray GL, Fehler G, et al. *Prevotella* and *Gardnerella* Are Associated With Treatment Failure Following First-line Antibiotics for Bacterial Vaginosis. *J Infect Dis.* 31 de agosto de 2023;228(5):646-56. doi:10.1093/infdis/jiad261
72. Pinto CN, Jung M, Wimmer M, Goldblatt C, Sweeney N, Broache M, et al. Differential Screening for Nonviral Sexually Transmitted Infections by Type of Vaginitis

Testing. Sex Transm Dis. agosto de 2023;50(8):531-5. doi:10.1097/OLQ.0000000000001820

73. Schwebke JR, Taylor SN, Ackerman R, Schlaberg R, Quigley NB, Gaydos CA, et al. Clinical Validation of the Aptima Bacterial Vaginosis and Aptima *Candida/Trichomonas* Vaginitis Assays: Results from a Prospective Multicenter Clinical Study. Onderdonk AB, editor. J Clin Microbiol. 28 de enero de 2020;58(2):e01643-19. doi:10.1128/JCM.01643-19

74. Melo A, Ossa X, Fetis G, Lazo L, Bustos L, Fonseca-Salamanca F. Concordance Between Clinical and Laboratory Diagnosis of Abnormal Vaginal Discharge in Chilean Women. Rev Bras Ginecol E Obstetrícia RBGO Gynecol Obstet. agosto de 2021;43(08):600-7. doi:10.1055/s-0041-1735299

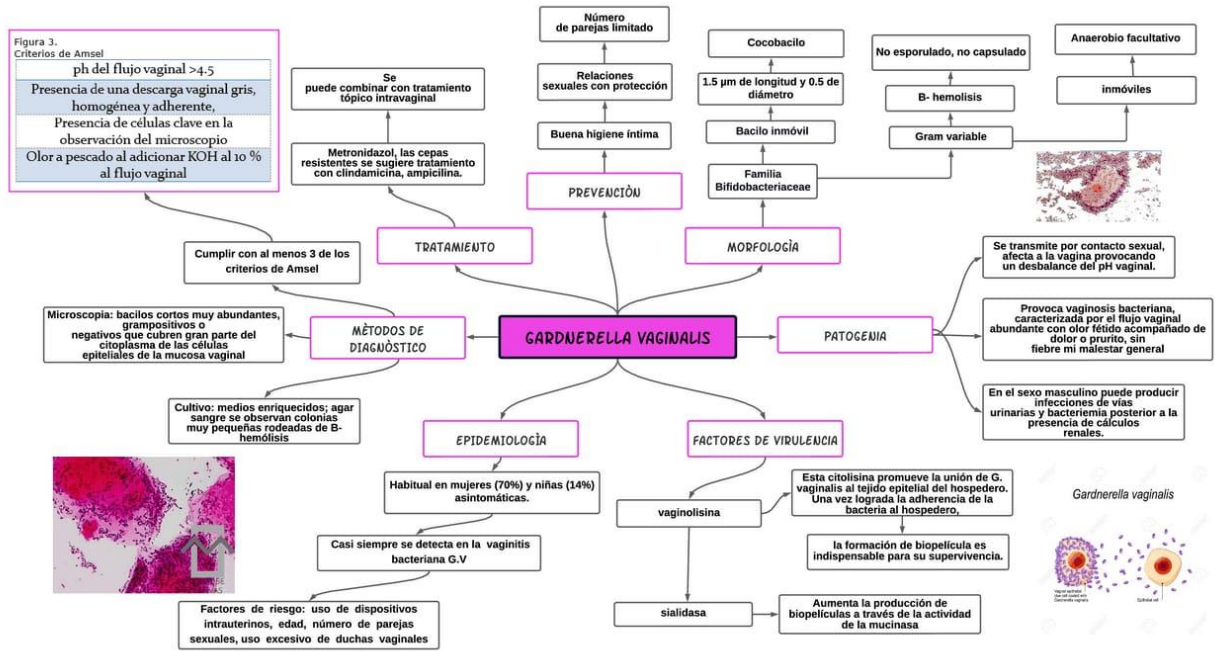
75. Huertas Fernández M, Mirca Tartau A, Caballero de Diego A, Simón Ruiz P. Papel de los test antigénicos en el diagnóstico rápido de vulvovaginitis por *Cándida*, *Cardnerella* y *Trichomonas*. Enfermería 21 [Internet]. 2023;11(3). Disponible en: <https://www.enfermeria21.com/revistas/matronas/articulo/275/papel-de-los-test-antigenicos-en-el-diagnostico-rapido-de-vulvovaginitis-por-candida-cardnerella-y-trichomonas/>

76. Challa A, Sood S, Kachhawa G, Upadhyay AD, Dwivedi SN, Gupta S. Diagnostic concordance between Amsel's criteria and the Nugent scoring method in the assessment of bacterial vaginosis. Fairley C, editor. Sex Health. 4 de enero de 2022;18(6):512-4. doi:10.1071/SH21149

77. Gaydos CA, Beqaj S, Schwebke JR, Lebed J, Smith B, Davis TE, et al. Clinical Validation of a Test for the Diagnosis of Vaginitis. Obstet Gynecol. julio de 2017;130(1):181-9. doi:10.1097/AOG.0000000000002090

ANEXOS

Anexo 1. Gardnerella Vaginalis



Fuente: <https://share.google/2CXPxZoVQBvrADIWJ>

Anexo 2. Puntuación de Nugent

Morfortipos en coloración de gram	Valoración numérica (elementos/campo)				
	0	1	2	3	4
Bacilos rectos gram positivos compatibles con <i>Lactobacillus spp.</i>	> 30	5_30	1_4	< 1	0
Coco-bacilos gram variables tipo anaerobios compatible con <i>Gardnerella vaginalis.</i>	0	< 1	1_4	5_30	>30
Bacilos GRAM variables curvos compatibles con <i>Mobiluncus spp</i>	0	1_4	5_30	-	-

Fuente: <https://share.google/GflpWKwIo4Rz0JQnx>

Anexo 3. Panel vaginal PCR Kit

APLICACIONES

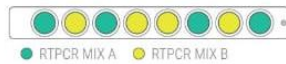
Muestras de hisopos vaginales humanos.

CONTENIDO

Master mix A y B, Solución de reconstitución, Control positivo y negativo. Cada mix incluye cebadores/sondas de control interno para la validación de muestras humanas que permite detectar una toma de muestra incorrecta o su posible degradación.

Formatos del kit:

Ref. RTPCR005-LPD contiene tapones y 1 placa de 96 tubos low profile (0,1 ml) divisible en 12 tiras de PCR con la Máster Mix predispensada y liofilizada.



COMPATIBILIDAD

Sistemas de extracción: BioMérieux (NucliSENS® easyMag®), Roche (MagNA Pure System), TANBead (Maelstrom 4800 y 9600), Thermo Fisher Scientific (KingFisher Flex) y Bruker (GenoExtract 12), entre otros.

Termocicladores Realtime PCR: Bio Rad (CFX96 Touch™).

DIANAS

	Mix	Diana	Canal
<i>G. vaginalis</i>	A	Gen 16s	FAM
<i>Lactobacillus</i> spp.	A	Gen rplK	HEX/VIC
<i>A. vaginae</i>	A	Gen 16s	Texas Red/ROX
<i>T. vaginalis</i>	A	Gen TRIDNATARP	Cy5
<i>C. glabrata</i>	B	Gen ITS	FAM
<i>Candida</i> spp.*	B	Gen ITS	HEX/VIC
<i>C. albicans</i>	B	Gen ITS	Texas Red/ROX
<i>C. krusei</i>	B	Gen ITS	Cy5
Control Interno	A, B	Gen humano ARNasa P	Quasar 705 (Cy5.5)

* *Candida tropicalis*/*Candida parapsilosis*/*Candida dubliniensis*

INTERPRETACIÓN DE RESULTADOS

Para la interpretación de resultados se requiere el uso de VIRCOM MOLECULAR COMMUNICATIONS SOFTWARE que realiza un cálculo automático utilizando la presencia relativa de tres marcadores (LB, GV y AV) para detectar vaginosis bacteriana y la clasificación de la flora vaginal (G1-G4).

Flora Normal

No existe alteración significativa basada en la presencia relativa de los marcadores *Lactobacillus* spp. y *G. vaginalis/A. vaginae*:

- **Grado 1:** Solo hay presencia de *Lactobacillus* spp.
- **Grado 2:** Flora dominada por *Lactobacillus* spp. pero con presencia de *G. vaginalis/A. vaginae*.

Vaginosis Bacteriana

Alteración significativa entre la presencia de *Lactobacillus* spp. y *G. vaginalis/A. vaginae*:

- **Grado 3:** Flora asociada a vaginosis bacteriana dominada por *G. vaginalis/A. vaginae*, aunque con presencia de *Lactobacillus* spp.
- **Grado 4:** Flora asociada a vaginosis bacteriana o flora alterada. *Lactobacillus* spp. es escaso o ausente en la muestra. Pueden predominar *G. vaginalis/A. vaginae*. La alteración de la flora normal también puede ser causada por otros microorganismos no incluidos en este kit.

Adicionalmente el kit detecta de forma cualitativa la presencia de *Trichomonas vaginalis* y diferentes especies de *Candida* spp., entre ellas *C. glabrata* y *C. krusei*, relevantes por su resistencia a los azoles.

RENDIMIENTO

	Sensibilidad	Especificidad	Nº de muestras
Vaginosis bacteriana	96%	92%	100
<i>Trichomonas vaginalis</i>	96%	100%	100
<i>Candida glabrata</i>	96%	100%	100
<i>Candida</i> spp.	97%	100%	113
<i>Candida albicans</i>	94%	100%	100
<i>Candida krusei</i>	96%	100%	100

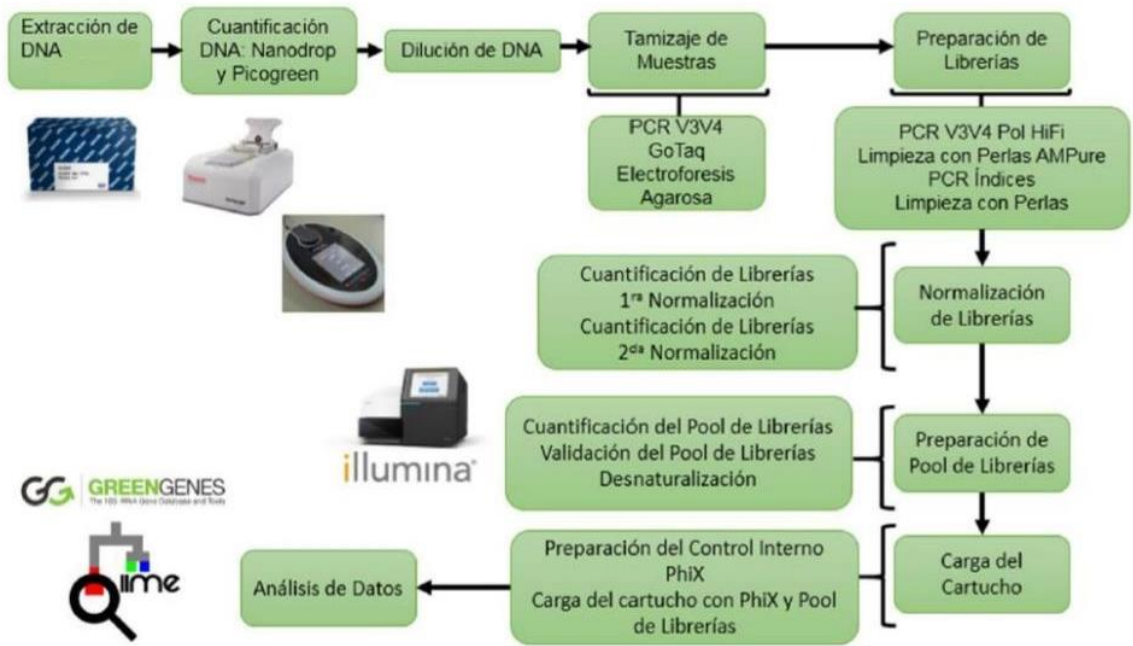
La clasificación de las muestras como vaginosis bacteriana o flora normal fue realizada comparando frente a Tinción de Gram y el score de Nugent. La detección de ADN de *T. vaginalis* o *Candida* fue realizada comparando con otros kit de RTPCR comerciales.

INFORMACIÓN Y PRODUCTOS RELACIONADOS

Descripción	Referencia	Contenido
VAGINAL PANEL REALTIME PCR KIT NOUEVO	RTPCR005-LPD	48 tests
CT/NG/TV/MG REALTIME PCR KIT	RTPCR006/-LPD	96 tests
AMPLIRUN TOTAL CT/NG/TV/MGE CONTROL (SWAB)	MBTC024-R	10 viales

Fuente: <https://share.google/VYCNHI1XYVL800rE6>

Anexo 4. Secuenciación 16S ARNr



Fuente: <https://share.google/OGN1iwa3puN4xu8Ix>