



Reseña sobre el artículo “Funciones de la microbiota del aparato reproductor femenino en la salud ginecológica y reproductiva”

Itzel Reyes Iturbide 

Licenciatura en Biología, Facultad de Ciencias Biológicas, Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, Puebla, México.

*Email: itzel.reyesit@alumno.buap.mx

07 de septiembre de 2023

DOI: <http://doi.org/10.5281/zenodo.8327187>

Editado por: Yolanda Elizabeth Morales García (Facultad de Ciencias Biológicas, Benemérita Universidad Autónoma de Puebla).

Revisado por: Jesús Muñoz-Rojas (Instituto de Ciencias, Benemérita Universidad Autónoma de Puebla).

Colección de ESMOS

Resumen

El tracto reproductivo femenino está compuesto por la vagina, el cuello uterino, el útero, las trompas de Falopio y los ovarios, y recalcan que el cuello uterino conecta el tracto reproductivo superior con la vagina. Diversos estudios han identificado un vínculo genético entre los



antecedentes genéticos de una mujer y taxones bacterianos específicos, aún se requiere saber por qué ocurre de esta manera, no obstante, es un impacto de la etnicidad racial.

Los *Lactobacillus* spp. Son los taxones que predominan en el microbioma vaginal, responsables de la disminución de la susceptibilidad a la infección por el VIH, además de otras infecciones vaginales. La interacción de estos taxones con el huésped, benefician en la salud vaginal. Algunos investigadores han planteado la hipótesis de que las infecciones intrauterinas causadas por microorganismos activan el sistema inmunitario innato y, en consecuencia, aumentan el riesgo de un parto prematuro. Un cuello uterino corto, es también un factor de riesgo de parto prematuro espontáneo, por su fácil ascensión de microbios.

En conclusión, el artículo es de suma importancia, debido a que brinda a través de un lenguaje claro, información valiosa de la que se debe profundizar más para las enfermedades e infecciones que pueden ser prevenidas y así evitar la muerte de más de una vida. El estudio y revisión exhaustiva de diferentes artículos y medios de investigación científica les permitió a los autores tener ideas más claras y compartirla de forma resumida y comprensible para lectores interesados en este tema, en especial descifrando cómo los miembros del microbioma del tracto reproductivo femenino afectan el embarazo.

Palabras clave: Ginecología; *Lactobacillus*; microbioma; prematuro; reproducción.

Reseña

En la revista científica American Society for Microbiology, en Microbiology and Molecular Biology Reviews, volumen 86, núm. 4, fue publicado el artículo “Funciones del microbiota del aparato reproductor femenino en la salud ginecológica y reproductiva” [1], dedicado a divulgar las investigaciones recientes sobre los mecanismos por los cuales los microorganismos del tracto reproductivo femenino influyen en la salud ginecológica y reproductiva del tracto reproductivo. El objetivo que proponen los autores, Bin Zhu, Zhi Tao, Laahirie Edupuganti, Myrna G. Serrano y Gregory A. Buck es descifrar cómo los miembros del microbioma del tracto reproductivo femenino afectan el embarazo, con

un enfoque en los resultados adversos en la última década con tecnologías avanzadas.

Los autores señalan que el tracto reproductivo femenino está compuesto por la vagina, el cuello uterino, el útero, las trompas de Falopio y los ovarios, y recalcan que el cuello uterino conecta el tracto reproductivo superior con la vagina.

Citando a Maldonado-Barragán A. *et al.*, (2016) [2], las especies de *Lactobacillus*, abundantes en el microbioma vaginal, producen ácido láctico, que inhibe los microbios asociados a la disbiosis, además de mantener la homeostasis y reducir riesgos de enfermedad. La inflamación causada por microorganismos que invaden el tracto genital superior puede provocar resultados adversos en el embarazo, pero aún no se tiene claro la procedencia de dichos microbios, y tampoco la existencia de un microbioma natural.

Estudios sobre microbioma vaginal se han logrado gracias a los análisis bioinformáticos de perfiles taxonómicos o genéticos. Como lo han mencionado los autores, los avances de las tecnologías permiten un rápido avance en el campo [1].

Diversos factores del huésped son los que afectan la composición del microbioma vaginal, entre ellos el estrógeno (factor clave para su mantenimiento), el glucógeno y la función de diversas enzimas. Se ha demostrado que a medida que aumentan los niveles de estrógenos, el pH del tracto genital se vuelve ácido, dejando más estable el microbioma, lo contrario sucede después del embarazo o en la menopausia. Además, un nivel elevado de testosterona se asocia con un microbiota más complejo de mujeres con síndrome de ovario poliquístico, como mencionan Hong *et al.*, (2021) [3], entre otros.

Por otra parte, y aún más sorprendente, diversos estudios han identificado un vínculo genético entre los antecedentes genéticos de una mujer y taxones bacterianos específicos, aún se requiere saber por qué ocurre de esta manera, no obstante, es un impacto de la etnicidad racial.

Los *Lactobacillus spp.* Son los taxones que predominan en el microbioma vaginal [4], responsables de la disminución de la susceptibilidad a la infección por el VIH, además de otras infecciones vaginales. La interacción de estos taxones con el huésped, benefician en la salud

vaginal. De esta manera se promueven efectos antiinflamatorios y antibacterianos, sin duda son de vital importancia. Aunado a esto, se debe tener conocimiento sobre la vaginitis, los tipos más comunes son la candidiasis vulvovaginal y la vaginitis por tricomoniasis, que hace falta mucha información por aprender y descubrir.

Después del parto, los niveles de estrógeno disminuyen de forma acelerada y la recuperación de la estabilidad del microbioma puede demorarse, esto puede traducirse en que un embarazo de un lapso menor a un año del postparto traería consigo muchas complicaciones, siendo más susceptible a infecciones y enfermedades.

Algunos investigadores han planteado la hipótesis de que las infecciones intrauterinas causadas por microorganismos activan el sistema inmunitario innato y, en consecuencia, aumentan el riesgo de un parto prematuro. Un cuello uterino corto, es también un factor de riesgo de parto prematuro espontáneo, por su fácil ascensión de microbios.

Otra parte interesante que plantean los autores es que algunos tipos de vaginosis bacteriana producen toxinas que pueden ser también factores de riesgo de embarazo prematuro [1]. El embarazo prematuro, es una de las causas mayores de muerte de niños menores de 5 años, según fuentes citadas.

Finalmente, se concluyó que un microbioma vaginal óptimo suele estar dominado por especies de *Lactobacillus* principalmente, como *L. crispatus*, *L. jensenii* entre otros taxones. En opinión de los autores, con los cuales coincido, para que se realicen estudios más avanzados se requieren de modelos especializados, ya que animales modelo, difieren con el tracto genital femenino, en su lugar se podrían utilizar modelos de tercera dimensión. Es fundamental tener conocimiento del microbioma del tracto reproductivo para mejorar la salud y bienestar de los seres humanos, como mencionan ampliamente los autores.

En conclusión, considero que el artículo es de suma importancia, brinda a través de un lenguaje claro información valiosa de la que se debe profundizar más para las enfermedades e infecciones que pueden ser prevenidas y así evitar la muerte de más de una vida. El estudio y revisión exhaustiva de diferentes artículos y medios de investigación científica les permitió a los autores tener ideas más claras y compartirla de forma

resumida y comprensible, que permitió descifrar cómo los miembros del microbioma del tracto reproductivo femenino afectan el embarazo.

<https://sites.google.com/view/esmosbuap/esmos-2023/esmos-55>

Referencias

- [1]. Bin Z, Zhi T, Laahirie E, G. SM, A. BG. Roles of the Microbiota of the Female Reproductive Tract in Gynecological and Reproductive Health. *Microbiol Mol Biol Rev* [Internet]. 2022 Oct 12;86(4):e00181-21. Available from: <https://doi.org/10.1128/membr.00181-21>
- [2]. Maldonado-Barragán A, Caballero-Guerrero B, Martín V, Ruiz-Barba JL, Rodríguez JM. Purification and genetic characterization of gassericin E, a novel co-culture inducible bacteriocin from *Lactobacillus gasseri* EV1461 isolated from the vagina of a healthy woman. *BMC Microbiol* [Internet]. 2016;16(1):37. Available from: <https://doi.org/10.1186/s12866-016-0663-1>
- [3]. Hong X, Qin P, Yin J, Shi Y, Xuan Y, Chen Z, et al. Clinical Manifestations of Polycystic Ovary Syndrome and Associations With the Vaginal Microbiome: A Cross-Sectional Based Exploratory Study [Internet]. Vol. 12, *Frontiers in Endocrinology* . 2021. Available from: <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fendo.2021.662725>
- [4]. Onderdonk AB, Delaney ML, Fichorova RN. The Human Microbiome during Bacterial Vaginosis. *Clin Microbiol Rev* [Internet]. 2020 Dec 18;29(2):223–38. Available from: <https://doi.org/10.1128/cmr.00075-15>

Esmos 55

