

Cultivo y análisis molecular para detectar vaginosis bacteriana en mujeres adolescentes

Culture and molecular analysis to detect bacterial vaginosis in adolescent girls

Paco Fernando Proaño Fiallos*
Universidad Nacional de Chimborazo
Riobamba – Ecuador
pproano@chimborazo.cruzroja.org.ec
<https://orcid.org/0009-0008-0815-6268>

Carlos Iván Peñafiel-Méndez
Universidad Nacional de Chimborazo
Riobamba – Ecuador
cpenafiel@unach.edu.ec
<https://orcid.org/0000-0002-4152-7154>

*Correspondencia:
pproano@chimborazo.cruzroja.org.ec

Cómo citar este artículo:
Proaño, P., & Peñafiel-Méndez, C. (2026).
Cultivo y análisis molecular para detectar
vaginosis bacteriana en mujeres adolescentes.
Esprint Investigación, 5(Esp.2), 217-233.
<https://doi.org/10.61347/ei.v5iEsp.2.397>

Recibido: 16 de septiembre de 2026

Aceptado: 16 de octubre de 2026

Publicado: 23 de octubre de 2026

Resumen: La vaginosis bacteriana constituye una alteración frecuente del microbiota vaginal, cuyo diagnóstico puede verse limitado por la inespecificidad de sus manifestaciones clínicas y las restricciones de los procedimientos microbiológicos convencionales. El objetivo del estudio fue analizar la evidencia científica disponible sobre la utilidad del cultivo bacteriano y los métodos moleculares para la detección de vaginosis bacteriana en adolescentes. Se realizó una revisión sistemática de la literatura con enfoque cualitativo y alcance descriptivo-analítico, siguiendo las directrices PRISMA 2020. Se efectuaron búsquedas en Scopus, PubMed, Redalyc y SciELO de publicaciones correspondientes al período 2022–2026. Se identificaron 221 registros, de los cuales 12 estudios fueron incluidos tras el proceso de selección y evaluación metodológica. Los resultados mostraron que *Gardnerella vaginalis* fue uno de los principales microorganismos identificados mediante cultivo bacteriano, aunque también se recuperaron especies relacionadas con otras alteraciones vaginales. Los métodos moleculares permitieron detectar microorganismos de difícil cultivo y caracterizar comunidades bacterianas asociadas con disbiosis. Sin embargo, la heterogeneidad metodológica y la limitada evidencia específica en adolescentes dificultaron la comparación directa del desempeño diagnóstico. Se concluyó que el cultivo bacteriano y los métodos moleculares proporcionaron información complementaria, sin evidencia suficiente para establecer la superioridad diagnóstica general de un procedimiento sobre otro.

Palabras clave: Cultivo bacteriano, diagnóstico microbiológico, microbiota vaginal, técnicas moleculares, vaginosis bacteriana.

Abstract: Bacterial vaginosis is a common alteration of the vaginal microbiota, and its diagnosis may be limited by nonspecific clinical manifestations and the limitations of conventional microbiological procedures. The objective of this study was to analyze the available scientific evidence on the usefulness of bacterial culture and molecular methods for detecting bacterial vaginosis in adolescents. A systematic literature review was conducted using a qualitative approach and a descriptive-analytical scope, following the PRISMA 2020 guidelines. Searches were performed in Scopus, PubMed, Redalyc, and SciELO for studies published between 2022 and 2026. A total of 221 records were identified, of which 12 studies were included after the selection process and methodological assessment. The results showed that *Gardnerella vaginalis* was one of the main microorganisms identified through bacterial culture, although species associated with other vaginal disorders were also isolated. Molecular methods enabled the detection of difficult-to-culture microorganisms and the characterization of bacterial communities associated with dysbiosis. However, methodological heterogeneity and the limited evidence specifically involving adolescents hindered direct comparisons of diagnostic performance. It was concluded that bacterial culture and molecular methods provided complementary information, with insufficient evidence to establish the overall diagnostic superiority of either approach.

Keywords: Bacterial culture, bacterial vaginosis, microbiological diagnosis, molecular techniques, vaginal microbiota.

Copyright: Derechos de autor 2026 Paco Fernando Proaño Fiallos, Carlos Iván Peñafiel-Méndez.



Esta obra está bajo una licencia internacional
Creative Commons Atribución-
NoComercial 4.0.

1. Introducción

La vaginosis bacteriana constituye un problema frecuente de salud sexual y reproductiva en mujeres adolescentes debido a la dificultad para reconocerla oportunamente, la presencia de manifestaciones clínicas inespecíficas y las limitaciones de los métodos convencionales. En este contexto, la combinación del cultivo bacteriano y las técnicas moleculares representa una alternativa para mejorar la identificación de los microorganismos asociados y favorecer un diagnóstico más preciso (Mazinani et al., 2026).

La vaginosis bacteriana constituye una alteración frecuente del microbiota vaginal, caracterizada por la disminución de bacterias protectoras y el predominio de comunidades microbianas asociadas con procesos de disbiosis. Su identificación representa un desafío clínico debido a la variabilidad de las manifestaciones, la presencia de casos asintomáticos y las limitaciones de determinadas pruebas diagnósticas. En adolescentes, su estudio adquiere relevancia por los cambios biológicos y las características reproductivas propias de esta etapa (Bradshaw et al., 2025; Savicheva, 2024).

El microbiota vaginal constituye un ecosistema dinámico integrado por microorganismos que participan en el mantenimiento del equilibrio fisiológico y la protección frente a agentes potencialmente patógenos. En numerosas mujeres, predominan especies del género *Lactobacillus*, especialmente *Lactobacillus crispatus* y *Lactobacillus jensenii*, cuya actividad metabólica contribuye a mantener un ambiente vaginal ácido. Este mecanismo constituye una barrera de protección frente a la colonización de microorganismos asociados con infecciones y alteraciones reproductivas (Salazar & Arellano-Velázquez, 2024).

La composición del microbiota vaginal puede modificarse por factores hormonales, prácticas sexuales, exposición a antimicrobianos y otras condiciones individuales. Estas variaciones pueden favorecer estados de disbiosis caracterizados por una reducción de lactobacilos y un incremento de bacterias anaerobias. En adolescentes, los cambios relacionados con la maduración reproductiva y las características individuales justifican el análisis de estas alteraciones, aunque su presencia no implica necesariamente el desarrollo de vaginosis bacteriana (Bradshaw et al., 2025; Olamendi-Portugal et al., 2025).

La vaginosis bacteriana se relaciona con una mayor abundancia de microorganismos como *Gardnerella vaginalis*, *Fannyhessea vaginae* —anteriormente denominada *Atopobium vaginae*— y especies del género *Mobiluncus*. Este desequilibrio puede acompañarse de elevación del pH vaginal, secreción anormal y olor característico, aunque algunas mujeres no presentan manifestaciones evidentes. Asimismo, se han documentado asociaciones con infecciones de transmisión sexual y determinados resultados reproductivos adversos, sin que estas relaciones impliquen causalidad directa en todos los casos (Bradshaw et al., 2025; Sethi et al., 2024).

La población adolescente constituye un grupo de interés para estudiar la composición del microbiota vaginal y sus posibles alteraciones. Investigaciones realizadas en adolescentes y mujeres jóvenes han documentado variaciones en los perfiles microbianos y asociaciones con características clínicas y reproductivas. No obstante, la evidencia procedente de adolescentes embarazadas debe interpretarse considerando las particularidades de esa población, evitando extrapolar sus resultados a todas las adolescentes. Estas diferencias hacen necesario examinar las características de las poblaciones incluidas en los estudios diagnósticos (Happel et al., 2023; Olamendi-Portugal et al., 2025).

El diagnóstico de la vaginosis bacteriana se fundamenta tradicionalmente en los criterios clínicos de Amsel y la evaluación microscópica mediante la puntuación de Nugent. Aunque estos procedimientos son ampliamente utilizados, pueden presentar diferencias de interpretación y limitaciones

relacionadas con la identificación específica de microorganismos. Por su parte, el cultivo bacteriano permite aislar microorganismos viables y evaluar determinadas características fenotípicas; sin embargo, no constituye una prueba diagnóstica suficiente para confirmar vaginosis bacteriana debido a su naturaleza polimicrobiana (Savicheva, 2024).

Los métodos moleculares han ampliado las posibilidades de identificación de microorganismos relacionados con la disbiosis vaginal. Entre las técnicas utilizadas se encuentran la reacción en cadena de la polimerasa (PCR), la PCR en tiempo real y los ensayos multiplex, capaces de detectar simultáneamente diferentes dianas microbianas. Estas herramientas permiten reconocer bacterias de difícil cultivo y analizar perfiles asociados con vaginosis bacteriana. No obstante, su rendimiento depende de los microorganismos seleccionados, los criterios diagnósticos y las características de la población evaluada (Lillis et al., 2023; Savicheva, 2024).

La secuenciación del gen del ARN ribosómico 16S constituye una herramienta adicional para caracterizar la diversidad y abundancia relativa de bacterias presentes en el microbiota vaginal. A diferencia de los ensayos moleculares dirigidos, esta aproximación permite explorar comunidades microbianas más amplias, aunque su aplicación corresponde principalmente a la investigación y no equivale necesariamente a una prueba clínica de diagnóstico. Por ello, resulta importante distinguir entre las técnicas destinadas a identificar microorganismos específicos y aquellas orientadas a estudiar la composición global del microbiota (Savicheva, 2024; Usyk et al., 2025).

La evidencia científica indica que el cultivo bacteriano y los métodos moleculares proporcionan información microbiológica complementaria, pero presentan diferencias en sus fundamentos, aplicaciones y limitaciones. Mientras el cultivo permite recuperar microorganismos viables, las técnicas moleculares facilitan la detección de secuencias genéticas y la identificación de perfiles microbianos asociados con disbiosis. Sin embargo, la capacidad para detectar una bacteria no equivale necesariamente a la capacidad para diagnosticar vaginosis bacteriana, por lo que resulta indispensable considerar los estándares de referencia y los indicadores de desempeño de cada procedimiento (Lillis et al., 2023; Savicheva, 2024).

El presente estudio tiene como objetivo analizar la evidencia científica disponible sobre la utilidad del cultivo bacteriano y los métodos moleculares en la detección de vaginosis bacteriana en adolescentes, considerando los microorganismos identificados, los procedimientos diagnósticos empleados y los parámetros de desempeño reportados en la literatura especializada. En este contexto, se busca responder las siguientes preguntas de investigación: ¿Cuáles son los principales microorganismos asociados con la vaginosis bacteriana identificados mediante técnicas de cultivo bacteriano convencional? ¿Cuál es la evidencia científica sobre la aplicación de técnicas moleculares para la detección de *Gardnerella vaginalis* y otros microorganismos relacionados? ¿Qué diferencias existen entre el cultivo bacteriano y los métodos moleculares respecto a su capacidad diagnóstica?

2. Metodología

Se realizó una revisión sistemática de la literatura con enfoque cualitativo y alcance descriptivo-analítico, siguiendo las directrices PRISMA 2020. La investigación tuvo como propósito sintetizar la evidencia científica disponible sobre la utilidad del cultivo bacteriano y los métodos moleculares para la detección de vaginosis bacteriana en adolescentes. Se analizaron los microorganismos identificados, las técnicas diagnósticas empleadas y los parámetros de desempeño reportados en los estudios seleccionados.

Criterios de inclusión y exclusión

Se incluyeron artículos científicos originales publicados en inglés y español entre enero de 2022 y el 23 de julio de 2026. La población de interés estuvo constituida por adolescentes; también se consideraron investigaciones con muestras mixtas de adolescentes y mujeres jóvenes, siempre que incluyeran participantes adolescentes y proporcionaran resultados pertinentes. Los estudios debían abordar el cultivo bacteriano convencional o métodos moleculares, como PCR, PCR multiplex, PCR en tiempo real y secuenciación del gen ARNr 16S.

Se excluyeron publicaciones duplicadas, editoriales, cartas al editor, comunicaciones de congresos, revisiones narrativas y reportes de casos individuales. También se descartaron investigaciones que no abordaron los procedimientos microbiológicos o moleculares de interés, que no proporcionaron resultados interpretables para la población estudiada o cuyo texto completo no pudo recuperarse. Adicionalmente, se consideró la evaluación del riesgo de sesgo para determinar la elegibilidad metodológica de los estudios. Los criterios de selección se organizaron mediante el esquema PICOS, presentado en la tabla 1.

Tabla 1

Criterios de elegibilidad establecidos mediante el esquema PICOS

Componente	Criterio establecido
P (Población)	Adolescentes y cohortes mixtas de adolescentes y mujeres jóvenes, cuando se dispuso de información pertinente para la población adolescente.
I (Intervención o exposición)	Cultivo bacteriano convencional y métodos moleculares, incluidos PCR, PCR en tiempo real, PCR multiplex y secuenciación del gen ARNr 16S.
C (Comparador)	Criterios de Amsel, puntuación de Nugent u otros procedimientos de referencia, cuando estuvieron disponibles.
O (Resultados)	Microorganismos identificados, características del microbiota vaginal, parámetros de desempeño diagnóstico y utilidad de los métodos evaluados.
S (Diseño de estudio)	Investigaciones originales con datos primarios pertinentes al objetivo de la revisión.

Estrategia de búsqueda

La búsqueda bibliográfica se efectuó en Scopus, PubMed, Redalyc y SciELO, seleccionadas por su cobertura de publicaciones relacionadas con las ciencias biomédicas y la salud reproductiva. Se utilizaron términos en español e inglés relacionados con tres componentes: vaginosis bacteriana, población adolescente y procedimientos diagnósticos microbiológicos y moleculares. Las expresiones se combinaron mediante operadores booleanos y se adaptaron a las características de cada plataforma, considerando los límites temporales e idiomáticos establecidos.

La búsqueda se completó el 23 de julio de 2026 y permitió identificar 221 registros en las cuatro bases de datos consultadas. Se recuperaron 206 publicaciones de Scopus, 11 de PubMed, dos de Redalyc y dos de SciELO. Los resultados se organizaron según su procedencia para facilitar la identificación de duplicados y la posterior selección de estudios. La tabla 2 presenta la distribución de los registros identificados mediante las estrategias bibliográficas utilizadas.

Tabla 2*Bases de datos y resultados de la búsqueda bibliográfica*

Base de datos	Registros identificados
Scopus	206
PubMed	11
Redalyc	2
SciELO	2
Total	221

Selección de estudios

La selección de estudios se efectuó mediante un procedimiento estructurado que comprendió la identificación de registros, eliminación de duplicados, cribado de títulos y resúmenes, recuperación de textos completos y evaluación de elegibilidad. En cada etapa se consideró la correspondencia de las publicaciones con el objetivo y las preguntas de investigación. Posteriormente, se revisaron las características metodológicas de los documentos elegibles y se organizaron los datos necesarios para desarrollar la síntesis descriptiva y comparativa.

Durante la fase de identificación se recuperaron 221 registros, de los cuales 11 se eliminaron por duplicidad. Los 210 registros restantes se sometieron al cribado de títulos, resúmenes y palabras clave, proceso en el que se excluyeron 180 publicaciones por incumplimiento de los criterios establecidos. Se intentó recuperar el texto completo de 30 documentos, pero tres no estuvieron disponibles. En consecuencia, se evaluaron 27 publicaciones y se excluyeron 15 durante la fase de elegibilidad, por lo que 12 estudios integraron la revisión sistemática.

El proceso de identificación, cribado, recuperación y selección de estudios se documentó mediante el diagrama de flujo PRISMA 2020. Esta representación permitió describir la cantidad de registros identificados, las publicaciones descartadas y los documentos evaluados antes de la inclusión definitiva. La Figura 1 presentó la distribución de los registros en cada etapa, de acuerdo con los criterios de selección establecidos y los resultados obtenidos durante la búsqueda bibliográfica.

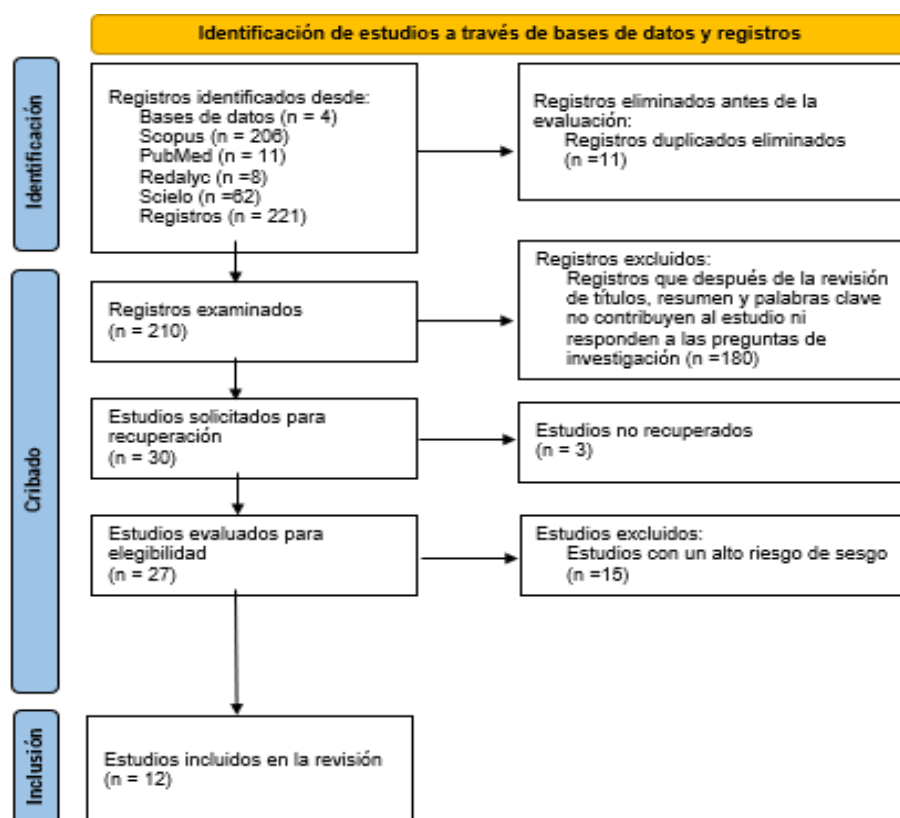
Evaluación del riesgo de sesgo

La evaluación del riesgo de sesgo se realizó sobre los 27 documentos recuperados y sometidos a elegibilidad, mediante instrumentos seleccionados según sus diseños metodológicos. Los resultados se organizaron en categorías de riesgo y se utilizaron como parte del proceso de selección de la evidencia. Esta evaluación permitió identificar limitaciones relacionadas con la validez de los procedimientos y la interpretación de los resultados, considerando las características metodológicas de cada investigación.

En el grupo de 25 estudios clasificados como observacionales se registraron 11 evaluaciones de bajo riesgo, 12 de riesgo moderado y dos de riesgo alto. Asimismo, se identificó un ensayo clínico clasificado con bajo riesgo y un reporte de caso valorado con riesgo alto. De acuerdo con el criterio de inclusión basado en bajo riesgo de sesgo, se conservaron 12 investigaciones para la síntesis final. Las 15 publicaciones restantes no fueron incorporadas al conjunto definitivo de estudios.

Figura 1

Diagrama de flujo PRISMA 2020



La figura 2 presentó la distribución de las evaluaciones de riesgo de sesgo correspondientes a los documentos analizados antes de la selección final. Esta representación permitió diferenciar los estudios de bajo riesgo de aquellos que presentaron limitaciones metodológicas relevantes. Los resultados se utilizaron para describir el proceso de elegibilidad y sustentar la decisión de incluir únicamente investigaciones clasificadas con bajo riesgo de sesgo en la síntesis de evidencia.

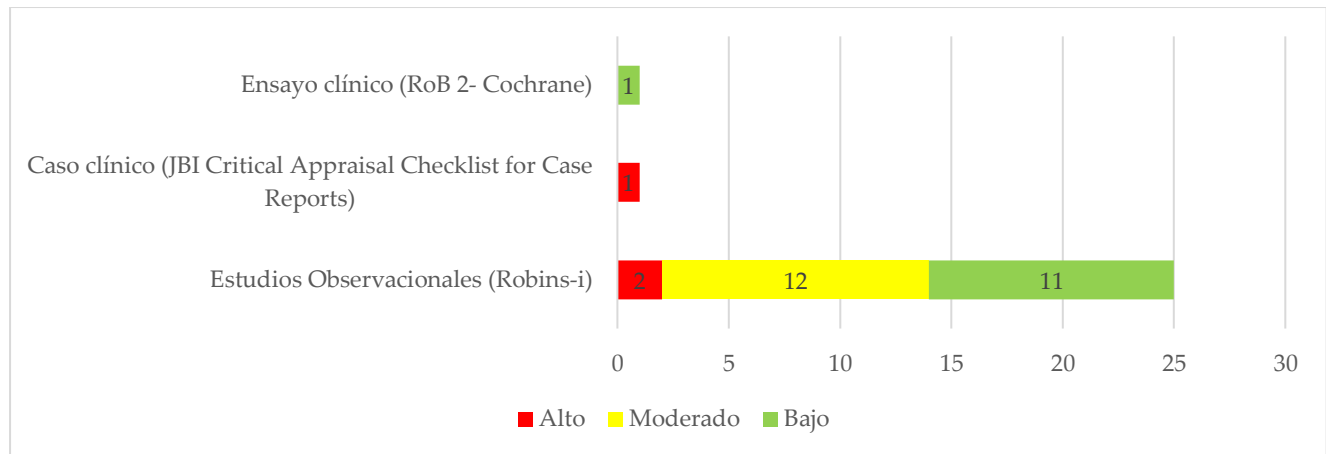
Métodos de síntesis de la información

Para la extracción de información se elaboró una matriz que permitió organizar los datos bibliográficos, las características de las poblaciones, los microorganismos identificados, las técnicas diagnósticas empleadas y los parámetros de desempeño reportados. Posteriormente, se efectuó una síntesis descriptiva y comparativa de los 12 estudios incluidos. Los hallazgos se agruparon según el método diagnóstico utilizado y su correspondencia con las preguntas de investigación, destacando las principales similitudes, diferencias y limitaciones documentadas.

La comparación de los procedimientos se desarrolló considerando los microorganismos identificados mediante cultivo bacteriano y los resultados obtenidos con métodos moleculares. Cuando los estudios proporcionaron información suficiente, se examinaron indicadores de desempeño diagnóstico, como sensibilidad, especificidad y concordancia con procedimientos de referencia. Debido a las diferencias metodológicas entre las investigaciones, los resultados se interpretaron de manera descriptiva, sin realizar combinaciones estadísticas ni estimaciones globales de eficacia diagnóstica.

Figura 2

Evaluación del riesgo de sesgo de los estudios examinados durante la fase de elegibilidad



3. Resultados

Microorganismos asociados con la vaginosis bacteriana identificados mediante cultivo bacteriano convencional

Los estudios que emplearon cultivo bacteriano convencional permitieron identificar microorganismos relacionados con alteraciones del microbiota vaginal y describir sus características microbiológicas. Entre los hallazgos destacaron los aislamientos de *Gardnerella vaginalis*, bacterias anaerobias y microorganismos oportunistas asociados con diferentes formas de vaginitis. La Tabla 3 presenta los resultados de seis investigaciones, considerando la población estudiada, los microorganismos identificados y las principales ventajas y limitaciones del procedimiento microbiológico.

Tabla 3

Microorganismos identificados mediante cultivo bacteriano convencional en estudios sobre vaginosis bacteriana y otras alteraciones vaginales

Autores	País y población	Microorganismos identificados	Ventajas y limitaciones
Shen et al. (2024)	China. 238 pacientes con vaginosis bacteriana positiva para sialidasa.	<i>Gardnerella vaginalis</i> (32,77 %), bacilos gramnegativos (46,22 %), <i>Candida</i> spp. (13,45 %) y <i>Streptococcus agalactiae</i> (7,56 %).	Permitió identificar microorganismos cultivables y estudiar su susceptibilidad. Presentó limitaciones para recuperar determinados anaerobios.
Enwuru et al. (2024)	Nigeria. 232 mujeres embarazadas; edad media de 28,11 ± 7,08 años.	<i>Gardnerella</i> spp., <i>Bacteroides</i> spp., <i>Escherichia coli</i> y <i>Pseudomonas</i> spp.	Permitió recuperar microorganismos viables y evaluar su susceptibilidad antimicrobiana. Su alcance dependió de las condiciones de cultivo.
González-Mustri et al. (2023)	México. 121 muestras cervicovaginales obtenidas en una institución de tercer nivel.	<i>Gardnerella vaginalis</i> .	Facilitó el aislamiento bacteriano, aunque requirió medios y condiciones específicas para su recuperación.
Rashidifar et al. (2023)	Irán. 500 pacientes atendidas en consulta ginecológica.	Se identificaron 173 pacientes con infección asociada con <i>Gardnerella vaginalis</i> .	Permitió estudiar el microorganismo mediante cultivo y PCR, además de evaluar su resistencia antimicrobiana.
Bórquez et al. (2022)	Chile. 127 mujeres privadas de libertad.	El 53,2 % presentó cultivo positivo; <i>Gardnerella vaginalis</i> se identificó en	Permitió identificar microorganismos cultivables y explorar asociaciones

		el 32,3 % de las participantes.	epidemiológicas, sin caracterizar toda la comunidad vaginal.
Gizat et al. (2026)	Etiopía. 261 mujeres con sospecha de infecciones de transmisión sexual.	<i>Staphylococcus aureus</i> (28,9 %), <i>Escherichia coli</i> (26,7 %), <i>Klebsiella pneumoniae</i> y <i>Pseudomonas aeruginosa</i> , principalmente en el análisis de vaginitis aeróbica.	Permitió realizar aislamiento y pruebas de susceptibilidad. Los resultados sobre bacterias aeróbicas no representaron por sí solos la composición de la vaginosis bacteriana.

Los resultados mostraron que *Gardnerella vaginalis* constituyó uno de los microorganismos de mayor interés en las investigaciones relacionadas con vaginosis bacteriana. Bórquez et al. (2022) identificaron este microorganismo en el 32,3 % de las participantes, mientras que Rashidifar et al. (2023) documentaron 173 casos asociados con su presencia entre 500 pacientes evaluadas. Sin embargo, las diferencias poblacionales y metodológicas impidieron establecer una frecuencia conjunta o considerar estos resultados como representativos de la población adolescente.

Además de *Gardnerella vaginalis*, se identificaron microorganismos como *Escherichia coli*, *Staphylococcus aureus*, *Streptococcus agalactiae* y especies de *Pseudomonas* y *Klebsiella*. Estos hallazgos evidenciaron la diversidad de microorganismos recuperados mediante cultivo, aunque no todos correspondieron específicamente a vaginosis bacteriana. En particular, los aislamientos aeróbicos debieron diferenciarse de las bacterias anaerobias habitualmente relacionadas con esta condición, debido a que ambas alteraciones vaginales presentan características microbiológicas distintas (Gizat et al., 2026; Shen et al., 2024).

En conjunto, los estudios evidenciaron que el cultivo bacteriano permitió recuperar microorganismos viables, efectuar su identificación y realizar pruebas de susceptibilidad antimicrobiana cuando estuvieron disponibles. No obstante, su capacidad de recuperación dependió de los medios utilizados, las condiciones de incubación y los requerimientos metabólicos de las especies investigadas. Estas limitaciones restringieron la caracterización integral del microbiota vaginal y respaldaron la necesidad de analizar otros procedimientos para identificar microorganismos asociados con disbiosis.

Aplicación de métodos moleculares para la detección de microorganismos asociados con vaginosis bacteriana

Las investigaciones que incorporaron procedimientos moleculares permitieron examinar diferentes componentes del microbiota vaginal mediante amplificación de ácidos nucleicos y secuenciación. Los estudios incluyeron técnicas destinadas a detectar microorganismos específicos y procedimientos orientados a caracterizar comunidades bacterianas. La Tabla 4 describe seis investigaciones y distingue los métodos moleculares de la evaluación microscópica convencional mediante la puntuación de Nugent, utilizada como procedimiento de referencia en determinados estudios.

Tabla 4

Métodos empleados para la identificación y caracterización de microorganismos relacionados con vaginosis bacteriana

Autores	Población	Método utilizado	Principales hallazgos
Mehta et al. (2023)	436 adolescentes escolares de Kenia.	Caracterización molecular de la microbiota vaginal y pruebas para infecciones de transmisión sexual.	Se identificaron perfiles microbianos dominados por lactobacilos y comunidades asociadas con disbiosis vaginal.

Sethi et al. (2024)	3531 muestras clínicas de mujeres evaluadas por infecciones vaginales.	Puntuación de Nugent y procedimientos microbiológicos complementarios.	Se identificaron asociaciones entre puntuaciones compatibles con vaginosis bacteriana e infecciones genitales. Nugent correspondió a un método microscópico, no molecular.
Happel et al. (2023)	33 adolescentes sudafricanas de 15 a 19 años.	Secuenciación del gen ARNr 16S y análisis del viroma vaginal.	Se caracterizaron comunidades bacterianas y se analizaron sus asociaciones con perfiles virales e indicadores inflamatorios.
Usyk et al. (2025)	187 mujeres con infección incidente por <i>Chlamydia trachomatis</i> y 373 controles.	Caracterización molecular mediante secuenciación del gen ARNr 16S.	Se identificaron perfiles microbianos asociados con vaginosis bacteriana y con la evolución de la infección por <i>C. trachomatis</i> .
Zulaika et al. (2026)	Adolescentes escolares de una cohorte de Kenia.	Secuenciación del gen ARNr 16S.	Se caracterizaron comunidades bacterianas vaginales y perfiles microbianos asociados con superficies de copas menstruales.
Lillis et al. (2023)	Mujeres de 14 años o más con manifestaciones compatibles con vaginitis o vaginosis.	Panel molecular multiplex Xpert Xpress MVP.	Se obtuvo un desempeño diagnóstico favorable para la detección de vaginosis bacteriana, candidiasis y tricomoniasis frente a los procedimientos comparativos utilizados.

Los estudios mostraron que las técnicas moleculares permitieron identificar comunidades vaginales con diferentes niveles de diversidad bacteriana. Mehta et al. (2023) describieron perfiles asociados con alteraciones del microbiota en adolescentes escolares, mientras que Happel et al. (2023) examinaron la composición bacteriana y su relación con indicadores virales e inflamatorios. Estos resultados aportaron información sobre las características del ecosistema vaginal, aunque sus objetivos no se limitaron exclusivamente a la evaluación diagnóstica de vaginosis bacteriana.

De manera complementaria, Usyk et al. (2025) identificaron perfiles de microbiota relacionados con la adquisición y evolución de infecciones por *Chlamydia trachomatis*. Por su parte, Zulaika et al. (2026) analizaron comunidades bacterianas vaginales y microorganismos asociados con superficies de copas menstruales. Ambas investigaciones ampliaron el conocimiento sobre la composición de la microbiota, pero sus resultados no permitieron establecer directamente la superioridad clínica de la secuenciación frente al cultivo bacteriano convencional.

En el ámbito del diagnóstico molecular dirigido, Lillis et al. (2023) evaluaron un panel multiplex destinado a identificar microorganismos relacionados con diferentes causas de vaginitis y vaginosis. Los resultados mostraron un desempeño favorable frente a los procedimientos comparativos utilizados en el estudio. En contraste, Sethi et al. (2024) emplearon principalmente la puntuación de Nugent para clasificar alteraciones vaginales, por lo que sus resultados correspondieron a evidencia sobre diagnóstico microscópico convencional y no sobre detección molecular.

Evidencia científica sobre la utilidad de los métodos moleculares

La aplicación de métodos moleculares permitió diferenciar dos enfoques principales: la caracterización de comunidades microbianas y la detección dirigida de microorganismos asociados con infecciones vaginales. Para examinar estas aplicaciones, se sintetizaron cinco investigaciones con información relevante sobre secuenciación del gen ARNr 16S, perfiles bacterianos y paneles diagnósticos multiplex. La tabla 5 presenta los procedimientos utilizados, los microorganismos o comunidades evaluados y la utilidad reportada en cada investigación.

Tabla 5

Evidencia científica sobre la aplicación de métodos moleculares para la detección y caracterización de microorganismos asociados con vaginosis bacteriana

Autores	Técnicas moleculares	Evidencia microbiológica	Utilidad reportada
Mehta et al. (2023)	Secuenciación del gen ARNr 16S y pruebas moleculares para infecciones de transmisión sexual.	Identificación de comunidades dominadas por <i>Lactobacillus</i> y perfiles asociados con disbiosis vaginal.	Caracterización de comunidades bacterianas y análisis de asociaciones con infecciones genitales.
Happel et al. (2023)	Secuenciación del gen ARNr 16S y análisis metagenómico del viroma.	Caracterización de bacterias relacionadas con diferentes perfiles de microbiota vaginal.	Estudio de asociaciones entre microbiota, virus del papiloma humano e indicadores inflamatorios.
Usyk et al. (2025)	Secuenciación del gen ARNr 16S y clasificación molecular de comunidades vaginales.	Identificación de perfiles bacterianos asociados con vaginosis bacteriana molecular y riesgo de infección por <i>C. trachomatis</i> .	Análisis de asociaciones entre composición microbiana, adquisición de infecciones y evolución clínica.
Zulaika et al. (2026)	Secuenciación del gen ARNr 16S.	Caracterización de comunidades vaginales y perfiles bacterianos relacionados con superficies de copas menstruales.	Evaluación de la composición de la microbiota y sus asociaciones con características de las participantes.
Lillis et al. (2023)	PCR multiplex mediante Xpert Xpress MVP.	Detección de dianas bacterianas asociadas con vaginosis bacteriana y microorganismos relacionados con candidiasis y tricomoniasis.	Evaluación clínica de una prueba molecular automatizada para la detección simultánea de diferentes causas de vaginitis y vaginosis.

Los hallazgos evidenciaron que la secuenciación del gen ARNr 16S facilitó la caracterización de comunidades bacterianas vaginales y la identificación de perfiles asociados con estados de disbiosis. Mehta et al. (2023), Happel et al. (2023) y Zulaika et al. (2026) aportaron información sobre la distribución de bacterias vaginales en poblaciones adolescentes. Sin embargo, estos resultados describieron principalmente características microbiológicas y asociaciones, sin constituir necesariamente evaluaciones directas de sensibilidad y especificidad para diagnosticar vaginosis bacteriana.

Las investigaciones también mostraron que la composición vaginal pudo relacionarse con otras condiciones clínicas y microbiológicas. Happel et al. (2023) analizaron las asociaciones entre microbiota bacteriana, virus del papiloma humano e indicadores inflamatorios, mientras que Usyk et al. (2025) examinaron perfiles microbianos relacionados con la infección por *Chlamydia trachomatis*. Estos hallazgos ampliaron la comprensión de las interacciones del ecosistema vaginal, aunque no demostraron por sí mismos relaciones causales entre la presencia de determinados microorganismos y el desarrollo de infecciones.

Por otra parte, Lillis et al. (2023) proporcionaron evidencia sobre la utilidad clínica de un panel molecular multiplex para evaluar diferentes causas de vaginitis y vaginosis. La prueba permitió detectar dianas microbiológicas asociadas con vaginosis bacteriana, candidiasis y tricomoniasis mediante una plataforma automatizada. A diferencia de la secuenciación comunitaria, este procedimiento estuvo orientado al diagnóstico y permitió examinar indicadores de desempeño frente a métodos comparativos establecidos en la investigación.

En conjunto, la evidencia mostró que los métodos moleculares ofrecieron aplicaciones diferenciadas según la técnica utilizada. La secuenciación permitió caracterizar perfiles bacterianos y explorar asociaciones microbiológicas, mientras que los paneles multiplex proporcionaron resultados dirigidos a la identificación de condiciones clínicas específicas. Esta distinción resultó relevante para interpretar su utilidad en adolescentes, debido a que una mayor amplitud en la caracterización microbiana no implicó necesariamente una mayor exactitud diagnóstica.

Comparación entre cultivo bacteriano y métodos moleculares para la detección de vaginosis bacteriana

La comparación de los procedimientos permitió identificar diferencias relacionadas con el fundamento de cada técnica, el tipo de información obtenida y su aplicación clínica o investigativa. El cultivo bacteriano se orientó a recuperar microorganismos viables, mientras que los métodos moleculares permitieron detectar dianas genéticas o caracterizar comunidades bacterianas. La Tabla 6 sintetiza cinco investigaciones relevantes y distingue los procedimientos utilizados para clasificación diagnóstica de aquellos destinados a estudiar la composición global del microbiota vaginal.

Tabla 6

Diferencias en las aplicaciones diagnósticas y microbiológicas de los procedimientos convencionales y moleculares

Autores	Diferencias identificadas	Utilidad y alcance de los procedimientos
Mehta et al. (2023)	La puntuación de Nugent permitió clasificar alteraciones de la microbiota mediante microscopía, mientras que la caracterización molecular examinó perfiles bacterianos.	Nugent aportó información convencional de clasificación; los métodos moleculares permitieron describir comunidades vaginales.
Happel et al. (2023)	La secuenciación permitió analizar la microbiota bacteriana y el viroma; los procedimientos convencionales proporcionaron información complementaria.	La caracterización molecular fue útil para investigar asociaciones entre microbiota, infección viral y respuesta inflamatoria.
Usyk et al. (2025)	La secuenciación del gen ARNr 16S permitió clasificar perfiles microbianos relacionados con vaginosis bacteriana molecular.	La caracterización comunitaria aportó información epidemiológica sobre su asociación con infecciones por <i>C. trachomatis</i> .
Zulaika et al. (2026)	La secuenciación permitió examinar comunidades bacterianas vaginales y asociadas con superficies de copas menstruales.	Los métodos moleculares facilitaron la caracterización microbiológica, sin establecer una comparación directa de exactitud frente al cultivo.
Lillis et al. (2023)	El panel multiplex permitió detectar simultáneamente dianas de diferentes causas de vaginitis y vaginosis frente a procedimientos comparativos.	La prueba molecular mostró utilidad diagnóstica en el contexto clínico estudiado, aunque su rendimiento no representó una comparación universal con todos los métodos de cultivo.

La evidencia examinada mostró que el cultivo bacteriano convencional mantuvo utilidad para recuperar microorganismos viables y efectuar estudios de susceptibilidad antimicrobiana. Sin embargo, su capacidad de detección dependió de las condiciones de laboratorio y de los requerimientos de crecimiento de cada microorganismo. Estas características limitaron su aplicación para describir la diversidad total del microbiota vaginal, especialmente cuando se investigaron especies anaerobias o bacterias con dificultades de recuperación mediante procedimientos convencionales.

En contraste, los estudios de Mehta et al. (2023), Happel et al. (2023) y Zulaika et al. (2026) mostraron que las técnicas de secuenciación permitieron caracterizar comunidades bacterianas y diferenciar perfiles relacionados con el equilibrio o la disbiosis vaginal. La información obtenida amplió la descripción de la composición microbiana y facilitó el análisis de asociaciones con diferentes condiciones clínicas. No obstante, estos hallazgos no constituyeron comparaciones directas de sensibilidad diagnóstica frente al cultivo bacteriano.

Respecto al desempeño diagnóstico, Lillis et al. (2023) aportaron resultados relevantes mediante la evaluación de un panel molecular multiplex frente a los procedimientos de comparación establecidos. El estudio mostró que las pruebas moleculares dirigidas pudieron alcanzar indicadores favorables de

sensibilidad y especificidad para detectar condiciones asociadas con vaginitis y vaginosis. Sin embargo, la interpretación de estos valores requirió considerar las características de la población, los microorganismos incluidos en el panel y los estándares utilizados.

En relación con la especificidad microbiológica, las técnicas moleculares permitieron identificar secuencias genéticas correspondientes a microorganismos previamente definidos o clasificar comunidades bacterianas mediante secuenciación. Esta capacidad contribuyó a reconocer perfiles que no podían caracterizarse completamente mediante cultivo convencional. Sin embargo, la detección de material genético no demostró necesariamente la viabilidad bacteriana ni confirmó por sí sola la presencia de enfermedad, por lo que los resultados requirieron interpretación clínica y microbiológica.

Finalmente, la evidencia indicó que la selección del procedimiento dependió del propósito diagnóstico o investigativo. El cultivo bacteriano proporcionó información sobre microorganismos viables y susceptibilidad antimicrobiana, mientras que la secuenciación permitió estudiar la diversidad de comunidades vaginales. Los paneles moleculares multiplex ofrecieron aplicaciones diagnósticas específicas mediante la detección simultánea de diferentes dianas. Por tanto, no fue posible establecer la superioridad general de un método sobre otro a partir de la evidencia heterogénea presentada en los estudios seleccionados.

4. Discusión

Los resultados evidenciaron que la vaginosis bacteriana constituye una alteración compleja de la comunidad microbiana vaginal, más que una infección atribuible exclusivamente a un microorganismo específico. Este hallazgo coincidió con Bradshaw et al. (2025), quienes describieron esta condición como un proceso de disbiosis caracterizado por la reducción de bacterias protectoras y el predominio de microorganismos anaerobios. No obstante, la identificación de bacterias oportunistas en los estudios revisados también respondió a la inclusión de investigaciones sobre otras formas de vaginitis, por lo que su presencia no debió interpretarse como evidencia específica de vaginosis bacteriana.

La identificación recurrente de *Gardnerella vaginalis* mediante cultivo bacteriano coincidió con los antecedentes que reconocieron su relevancia en las alteraciones de la microbiota vaginal. Shen et al. (2024), González-Mustri et al. (2023), Rashidifar et al. (2023) y Bórquez et al. (2022) documentaron su presencia en diferentes contextos clínicos. Sin embargo, la detección de esta especie no constituyó un criterio diagnóstico suficiente, debido a que su significado clínico dependió de la composición bacteriana, los microorganismos coexistentes y los procedimientos empleados para identificar la disbiosis vaginal.

Desde la perspectiva del cultivo bacteriano convencional, los hallazgos respaldaron su utilidad para recuperar microorganismos viables y realizar pruebas de susceptibilidad antimicrobiana. Shen et al. (2024) y Enwuru et al. (2024) documentaron la identificación de aislamientos bacterianos y su caracterización fenotípica. No obstante, el cultivo presentó limitaciones para recuperar determinadas especies anaerobias y microorganismos con requerimientos especiales de crecimiento. Por consiguiente, su utilidad para estudiar bacterias específicas no implicó que pudiera establecer, de manera independiente, el diagnóstico de una alteración polimicrobiana como la vaginosis bacteriana.

En relación con los métodos moleculares, los resultados mostraron que estas herramientas ampliaron las posibilidades de identificación y caracterización de microorganismos asociados con disbiosis vaginal. Savicheva (2024) destacó la utilidad de las pruebas basadas en amplificación de ácidos nucleicos para complementar los procedimientos diagnósticos convencionales. Asimismo,

Mehta et al. (2023), Happel et al. (2023) y Zulaika et al. (2026) examinaron diferentes comunidades bacterianas mediante técnicas de secuenciación. Sin embargo, fue necesario distinguir entre la detección molecular dirigida y la caracterización global de la microbiota, debido a que ambas aproximaciones respondieron a propósitos analíticos diferentes.

Los hallazgos relacionados con adolescentes adquirieron relevancia por las características biológicas y reproductivas propias de esta etapa. Happel et al. (2023) caracterizaron la microbiota cervicovaginal de adolescentes sudafricanas, mientras que Usyk et al. (2025) identificaron asociaciones entre determinados perfiles microbianos y la adquisición de infecciones por *Chlamydia trachomatis*. No obstante, las diferencias entre las poblaciones estudiadas limitaron la extrapolación de los resultados, particularmente cuando las investigaciones incluyeron mujeres adultas o cohortes mixtas sin presentar información diagnóstica independiente para las participantes adolescentes.

Al comparar los procedimientos microbiológicos y moleculares, la evidencia sugirió que sus aplicaciones fueron complementarias, aunque estuvieron orientadas a objetivos diferentes. El cultivo bacteriano permitió recuperar microorganismos viables y evaluar características fenotípicas, mientras que los métodos moleculares facilitaron la identificación de dianas genéticas y la caracterización de comunidades bacterianas. Esta complementariedad no permitió establecer una superioridad diagnóstica general, debido a que las investigaciones utilizaron poblaciones, procedimientos y estándares de referencia diferentes, y pocas realizaron comparaciones directas entre ambas metodologías.

El desempeño clínico de los métodos moleculares también dependió de la técnica empleada y de los microorganismos incluidos en cada ensayo. Lillis et al. (2023) documentaron resultados favorables mediante un panel multiplex para la identificación de diferentes causas de vaginitis y vaginosis, lo que coincidió con la utilidad diagnóstica descrita por Savicheva (2024). Sin embargo, la sensibilidad y especificidad de un ensayo dirigido no debieron generalizarse a todos los procedimientos moleculares, especialmente a la secuenciación del gen ARNr 16S, cuya finalidad principal fue caracterizar la composición de las comunidades microbianas.

Desde una perspectiva clínica, los hallazgos indicaron que la identificación de microorganismos específicos debía interpretarse conjuntamente con los procedimientos diagnósticos y las características de la microbiota vaginal. Aunque *Gardnerella vaginalis* constituyó un microorganismo relevante, su detección aislada no permitió establecer la presencia de vaginosis bacteriana. Por ello, los criterios de Amsel y la puntuación de Nugent conservaron su importancia como procedimientos convencionales, mientras que las pruebas moleculares ofrecieron alternativas de identificación y caracterización cuya aplicación dependió de la disponibilidad tecnológica, el contexto clínico y el propósito de la evaluación.

En conjunto, la revisión permitió identificar aportes diferenciados del cultivo bacteriano y los métodos moleculares para el estudio de la vaginosis bacteriana. La principal contribución consistió en distinguir la recuperación de microorganismos viables, la caracterización de comunidades bacterianas y el desempeño de pruebas diagnósticas dirigidas como dimensiones que no debían considerarse equivalentes. No obstante, la evidencia disponible resultó insuficiente para determinar qué procedimiento presentó mayor exactitud diagnóstica específicamente en adolescentes, debido a la heterogeneidad metodológica y a la limitada disponibilidad de comparaciones directas.

Para futuras investigaciones, se recomendó desarrollar estudios comparativos que evaluaran directamente el cultivo bacteriano y los métodos moleculares en poblaciones adolescentes claramente definidas. Estas investigaciones deberían utilizar estándares diagnósticos explícitos, describir los microorganismos evaluados y presentar indicadores de sensibilidad, especificidad y concordancia con

sus respectivos intervalos de confianza. Asimismo, resultaría pertinente analizar las variaciones de la microbiota según características clínicas y sociodemográficas, con el propósito de fortalecer la evidencia sobre la utilidad de cada procedimiento en escenarios de atención e investigación.

Limitaciones

La revisión presentó limitaciones relacionadas con la heterogeneidad de las poblaciones, los diseños metodológicos y los procedimientos diagnósticos empleados. Algunos estudios incluyeron adolescentes y mujeres adultas sin proporcionar resultados diferenciados por grupos de edad, lo que restringió la interpretación específica para la población de interés. Además, determinadas investigaciones examinaron otras alteraciones vaginales o caracterizaron comunidades microbianas sin evaluar directamente la exactitud diagnóstica de los procedimientos, situación que limitó la comparación entre cultivo bacteriano y métodos moleculares.

Otra limitación correspondió a la escasa disponibilidad de estudios que aplicaran ambas técnicas sobre muestras comparables y utilizaran los mismos estándares de referencia. Esta situación impidió establecer diferencias cuantitativas consistentes de sensibilidad y especificidad. Asimismo, la inclusión exclusiva de investigaciones clasificadas con bajo riesgo de sesgo restringió el conjunto de evidencia analizada y pudo reducir la diversidad de diseños y contextos representados. Por estas razones, los hallazgos se interpretaron mediante una síntesis descriptiva y no permitieron establecer conclusiones generalizables sobre la superioridad de un método diagnóstico.

5. Conclusiones

El cultivo bacteriano permitió identificar *Gardnerella vaginalis* como uno de los principales microorganismos asociados con alteraciones de la microbiota vaginal, además de especies como *Streptococcus agalactiae*, *Escherichia coli*, *Pseudomonas* spp. y *Staphylococcus aureus*. Sin embargo, estos últimos microorganismos también se relacionaron con otras formas de vaginitis, por lo que su aislamiento no confirmó necesariamente vaginosis bacteriana. El cultivo permitió recuperar microorganismos viables y evaluar características fenotípicas, aunque presentó limitaciones para identificar especies anaerobias y de crecimiento exigente.

Los métodos moleculares, como PCR, PCR multiplex y secuenciación del gen ARNr 16S, permitieron detectar microorganismos asociados con disbiosis vaginal y caracterizar diferentes perfiles de microbiota. *Gardnerella vaginalis* se mantuvo como un microorganismo relevante; sin embargo, los hallazgos evidenciaron que la vaginosis bacteriana involucró modificaciones en la composición de las comunidades microbianas y no exclusivamente la presencia de una especie determinada. Estas herramientas ampliaron las posibilidades de identificación microbiológica, aunque su utilidad dependió del procedimiento empleado y de su finalidad diagnóstica o investigativa.

El cultivo bacteriano y los métodos moleculares presentaron aplicaciones diferenciadas para el estudio de la vaginosis bacteriana. El primero permitió recuperar microorganismos viables, mientras que los segundos facilitaron la detección de dianas genéticas y la caracterización de comunidades bacterianas. No obstante, la heterogeneidad metodológica, la limitada evidencia específica en adolescentes y la escasez de comparaciones directas impidieron establecer diferencias concluyentes de sensibilidad y especificidad entre ambos procedimientos. Por tanto, su utilidad se interpretó según el objetivo de evaluación, reconociendo su complementariedad con los criterios diagnósticos convencionales.

Referencias

- Bórquez, B., Reyes, T., Villanueva, D., Soto, S., León, M., & Alburquenque, C. (2022). Prevalencia de infecciones de transmisión sexual e infecciones vaginales en grupo de mujeres reclusas de la cárcel de Arica. *Revista Chilena de Infectología*, 39(4), 421–431. <https://doi.org/10.4067/S0716-10182022000400421>
- Bradshaw, C., Plummer, E., Muzny, C., Mitchell, C., Fredricks, D., Herbst-Kralovetz, M., & Vodstrcil, L. (2025). Bacterial vaginosis. *Nature Reviews Disease Primers*, 11, Article 43. <https://doi.org/10.1038/s41572-025-00626-1>
- Enwuru, C., Aiyedobgon, A., Ajayi, M., & Osuolale, K. (2024). Bacterial vaginosis (BV) and Trichomonas vaginalis (TV) co-infection, and bacterial antibiogram profile of pregnant women studied in Lagos, Nigeria. *BMC Women's Health*, 24, Article 415. <https://doi.org/10.1186/s12905-024-03257-y>
- Giono-Cerezo, S., López-Vidal, Y., & Alcántar-Curiel, M. (2026). Infecciones bacterianas y su asociación con la infertilidad femenina: diagnóstico y perspectivas terapéuticas. *Gaceta Médica de México*, 162(1), 30–38. <https://doi.org/10.24875/GMM.25000256>
- Gizat, A., Awoke, T., Getie, M., Gebreyesus, T., Tsega, A., Tafere, W., Ali, S., Mesele, A., Getachew, K., Nibret, D., Abie, K., & Abera, B. (2026). Prevalence, antimicrobial resistance, and associated factors of bacterial vaginosis and aerobic vaginitis among women suspected of STIs in Bahir Dar, Ethiopia. *BMC Women's Health*, 26, Article 129. <https://doi.org/10.1186/s12905-026-04301-9>
- González-Mustri, K., Guerra-Infante, F., Villeda-Rangel, G., & López-Hurtado, M. (2023). Frecuencia y detección molecular de Gardnerella vaginalis en una institución de tercer nivel. *Perinatología y Reproducción Humana*, 37(3), 91–98. <https://doi.org/10.24875/PER.23000020>
- Happel, A., Balle, C., Havyarimana, E., Brown, B., Maust, B., Feng, C., Yi, B., Gill, K., Bekker, L., Passmore, J., Jaspan, H., & Varsani, A. (2023). Cervicovaginal human papillomavirus genomes, microbiota composition and cytokine concentrations in South African adolescents. *Viruses*, 15(3), Article 758. <https://doi.org/10.3390/v15030758>
- Jiménez, R., Vanegas, J., & Espinoza, P. (2025). Eficacia de los probióticos para el tratamiento y prevención de la vaginosis bacteriana: revisión sistemática. *Ciencia Latina Revista Científica Multidisciplinar*, 9(5), 9549–9564. <https://dialnet.unirioja.es/servlet/articulo?codigo=10446357>
- Juárez, M., Rodríguez, C., Carreño, S., Jiménez, L., & Ortiz, R. (2025). Técnicas convencionales y moleculares en la identificación de hongos microscópicos de importancia médica. Revisión sistemática. *Ciencia Latina Revista Científica Multidisciplinar*, 8(6), 6759–6775. https://doi.org/10.37811/cl_rcm.v8i6.15362
- Lillis, R., Parker, R., Ackerman, R., Ackerman, J., Young, S., Weissfeld, A., Trevino, E., Nachamkin, I., Crane, L., Brown, J., Huang, C., Liu, X., & Van Der Pol, B. (2023). Clinical evaluation of a new molecular test for the detection of organisms causing vaginitis and vaginosis. *Journal of Clinical Microbiology*, 61(3), Article e01748-22. <https://doi.org/10.1128/jcm.01748-22>
- Mazinani, S., Arjmand, N., Sheikh Soleimany Darany, Z., Habibimoghdam, N., Younis, N. K., Abdul Kareem, R., Naji Sameer, H., Adil, M., & Sanjari Pour, A. (2026). Phage therapy for treatment of bacterial vaginosis. *Archives of Microbiology*, 208, Article 233. <https://doi.org/10.1007/s00203->

026-04774-0

- Mehta, S., Zulaika, G., Agingu, W., Nyothach, E., Bhaumik, R., Green, S., van Eijk, A., Kwaro, D., Otieno, F., & Phillips-Howard, P. (2023). Analysis of bacterial vaginosis, the vaginal microbiome, and sexually transmitted infections following the provision of menstrual cups in Kenyan schools: Results of a nested study within a cluster randomized controlled trial. *PLOS Medicine*, 20(7), Article e1004258. <https://doi.org/10.1371/journal.pmed.1004258>
- Olamendi-Portugal, M., Arias-Morales, R. G., Muñoz-Salgado, J., García-Cisneros, S., Sánchez-Alemán, M. A., & Herrera-Ortiz, A. (2025). Evaluación de la diversidad morfológica y dinámica de la microbiota vaginal en adolescentes y jóvenes embarazadas. *Salud Pública de México*, 67(5), 466–476. <https://doi.org/10.21149/16730>
- Pourajam, S., Kalantari, E., Talebzadeh, H., Mellali, H., Sami, R., Soltaninejad, F., Amra, B., Sajadi, M., Alenaseri, M., Kalantari, F., & Solgi, H. (2022). Secondary bacterial infection and clinical characteristics in patients with COVID-19 admitted to two intensive care units of an academic hospital in Iran during the first wave of the pandemic. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, 12, Article 784130. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2022.784130>
- Rashidifar, S., Harzandi, N., Honarmand Jahromi, S., & Gharavi, M. J. (2023). Prevalence of Gardnerella vaginalis infection and antibiotic resistance pattern of isolates of gynecology clinic patients at Shahriar Noor Hospital from January to June 2020 by PCR and culture methods. *Iranian Journal of Microbiology*, 15(4), 513–520. <https://doi.org/10.18502/ijm.v15i4.13505>
- Salazar, F., & Arellano-Velázquez, D. (2024). El rol de la microbiota vaginal en la salud reproductiva: mecanismos y tratamientos. *Reincisol*, 3(5), 1633–1654. [https://doi.org/10.59282/reincisol.V3\(5\)1633-1654](https://doi.org/10.59282/reincisol.V3(5)1633-1654)
- Sánchez-Vega, J., Morales-Galicia, A., Sánchez-Suir, D., Sánchez-Aguilar, J., González-Vences, J., González-Aguirre, D., Hernández-Larrainzar, M., de Villa-Hidalgo, M., Vega-Zavala, A., Figueroa-Fernández, L., Rincón-Sánchez, M., Ortiz-Pinzón, B., & Vázquez-Cervantes, A. (2026). Infecciones vulvovaginales comunes en el primer nivel de atención: vaginosis bacteriana, candidiasis y tricomoniasis. *Revista de la Facultad de Medicina (México)*, 69(2), 9–16. <https://n9.cl/zktwx>
- Savicheva, A. (2024). Molecular testing for the diagnosis of bacterial vaginosis. *International Journal of Molecular Sciences*, 25(1), Article 449. <https://doi.org/10.3390/ijms25010449>
- Sethi, S., Kanaujia, R., Yadav, R., Sharma, N., Dadwal, R., Chaudary, H., Kaur, K., Saini, A., Malhotra, S., Rathore, S., & Bagga, R. (2024). Association of intermediate Nugent score and bacterial vaginosis with sexually transmitted infections and vulvovaginal candidiasis. *Indian Journal of Dermatology, Venereology and Leprology*, 90(3), 296–301. https://doi.org/10.25259/IJDVL_775_2022
- Shen, Y., Zhu, Q., Ren, Y., Zhu, Y., Xiang, S., & Xu, J. (2024). Analysis of the spectrum of common pathogens and the resistance of Mycoplasma in sialidase-positive bacterial vaginosis. *Clinical Laboratory*, 70(6). <https://doi.org/10.7754/Clin.Lab.2024.230826>
- Usyk, M., Carlson, L., Schlecht, N., Sollecito, C., Grassi, E., Wiek, F., Viswanathan, S., Strickler, H., Nucci-Sack, A., Diaz, A., & Burk, R. (2025). Cervicovaginal microbiome and natural history of Chlamydia trachomatis in adolescents and young women. *Cell*, 188(4), 1051–1061.e12. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2024.12.011>

Zulaika, G., Nordgren, R., Atingu, W., Chaudhary, A., Dibondo, E., Wambua, P., van Eijk, A., Rusie, L., Naqib, A., Otieno, F., Phillips-Howard, P., & Mehta, S. (2026). Characterizing the bacterial surface profiles of menstrual cups and their association with user characteristics and vaginal microbiomes in an adolescent cohort from western Kenya. *Gates Open Research*, 10, Article 25. <https://doi.org/10.12688/gatesopenres.16380.1>

Transparencia

Conflicto de interés

Los autores declaran que no existen conflictos de interés de naturaleza alguna como parte de la presente investigación.

Fuente de financiamiento

Los autores financiaron completamente la investigación.

Contribución de autoría

Paco Fernando Proaño Fiallos: Conceptualización, metodología, software, análisis formal, investigación, gestión de datos, visualización, redacción - preparación del borrador original, redacción - revisión y edición, financiamiento, administración del proyecto, recursos.

Carlos Iván Peñafiel-Méndez: Conceptualización, metodología, software, validación, gestión de datos, redacción - revisión y edición, financiamiento, administración del proyecto, recursos, supervisión.

Los autores contribuyeron activamente en el análisis de los resultados, revisión y aprobación del manuscrito final.