Revista esprint Investigación

https://rei.esprint.tech
Vol. 5 N° Esp.2, Edición Especial 2026 (393-420) ISSN: 2960-8317
Salud y Ciencias de la Vida

Artículo de revisión

Aplicación de biología molecular para identificar microbiota asociada a vaginosis bacteriana en mujeres adultas: evisión sistemática

Application of molecular biology for the identification of microbiota associated with bacterial vaginosis in adult women: Systematic review

Lorena Nataly Silva Yanza*
Universidad Nacional de Chimborazo
Riobamba - Ecuador
lsilva@chimborazo.cruzroja.org.ec
https://orcid.org/0009-0001-4717-250X

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

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

Cómo citar este artículo:
Silva, L., & Peñafiel-Méndez, C. (2026). Aplicación de biología molecular para identificar microbiota asociada a vaginosis bacteriana en mujeres adultas: revisión sistemática. *Esprint Investigación, 5*(Esp.2), 393-420. https://doi.org/10.61347/ei.v5iEsp.2.412

Recibido: *17 de septiembre de 2026*
Aceptado: *23 de octubre de 2026*
Publicado: *5 de noviembre de 2026*

Copyright: Derechos de autor 2026 Lorena Nataly Silva Yanza, Carlos Iván Peñafiel-Méndez.

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

Resumen: La vaginosis bacteriana constituye una alteración polimicrobiana de la microbiota vaginal, caracterizada por la disminución de lactobacilos y el incremento de bacterias anaerobias, cuya identificación puede fortalecerse mediante técnicas moleculares. El objetivo fue analizar la aplicación de técnicas de biología molecular para caracterizar los microorganismos y perfiles de microbiota vaginal asociados con la vaginosis bacteriana en mujeres adultas. Se realizó una revisión sistemática con enfoque cualitativo, diseño documental y alcance descriptivo, siguiendo las recomendaciones de PRISMA 2020. Se efectuó una búsqueda en Scopus y PubMed de artículos publicados en español e inglés entre 2021 y 2025, que emplearon PCR, qPCR, secuenciación del gen 16S ARNr, metagenómica u otros procedimientos moleculares. De 132 registros identificados, se incluyeron 24 estudios tras el cribado, la evaluación de elegibilidad y la valoración del riesgo de sesgo; 13 presentaron riesgo bajo y 11 moderado. Los resultados evidenciaron una disminución de *Lactobacillus* y mayor presencia de *Gardnerella vaginalis*, *Fannyhessea vaginae*, *Prevotella*, *Megasphaera*, *Sneathia* y *Mobiluncus*, con asociaciones variables con la puntuación de Nugent, el pH vaginal, la inflamación genital y la respuesta terapéutica. Las técnicas moleculares permitieron una mayor resolución taxonómica, identificación de microorganismos difíciles de cultivar y cuantificación específica de bacterias. Sin embargo, la heterogeneidad metodológica limitó la comparación de los hallazgos. Se concluyó que estas herramientas complementaron los métodos convencionales y ampliaron la caracterización microbiológica, aunque su utilidad diagnóstica requiere mayor estandarización y validación clínica.

Palabras clave: Biología molecular, microbiota vaginal, secuenciación del gen 16S ARNr, técnicas moleculares, vaginosis bacteriana.

Abstract: *Bacterial vaginosis is a polymicrobial alteration of the vaginal microbiota characterized by a reduction in lactobacilli and an increase in anaerobic bacteria, whose identification can be enhanced through molecular techniques. This study aimed to analyze the application of molecular biology techniques to characterize microorganisms and vaginal microbiota profiles associated with bacterial vaginosis in adult women. A systematic review was conducted using a qualitative approach, documentary design, and descriptive scope, following PRISMA 2020 reporting guidelines. Scopus and PubMed were searched for articles published in English and Spanish between 2021 and 2025 that employed PCR, qPCR, 16S rRNA gene sequencing, metagenomics, or other molecular methods. Of the 132 records identified, 24 studies were included following screening, eligibility assessment, and risk-of-bias evaluation; 13 presented a low risk of bias and 11 a moderate risk. The findings revealed a reduction in Lactobacillus and an increased presence of Gardnerella vaginalis, Fannyhessea vaginae, Prevotella, Megasphaera, Sneathia, and Mobiluncus, with variable associations with Nugent scores, vaginal pH, genital inflammation, and treatment response. Molecular techniques enabled higher taxonomic resolution, identification of difficult-to-culture microorganisms, and specific bacterial quantification. However, methodological heterogeneity limited comparisons across studies. It was concluded that these techniques complemented conventional methods and improved microbiological characterization, although their diagnostic utility requires further standardization and clinical validation.*

Keywords*: Bacterial vaginosis, molecular biology, molecular techniques, 16S rRNA gene sequencing, vaginal microbiota.*

1. Introducción

La aplicación de técnicas de biología molecular para caracterizar la microbiota asociada con la vaginosis bacteriana en mujeres adultas constituye una herramienta relevante para identificar las comunidades microbianas vaginales y reconocer alteraciones relacionadas con la disbiosis. Su utilización permite comprender el papel protector de los lactobacilos e identificar microorganismos asociados con esta condición, entre ellos *Gardnerella*, *Atopobium*, *Prevotella* y *Mobiluncus* (Zavala & Murillo, 2023; Pacha-Herrera et al., 2022).

La biología molecular es una disciplina científica dedicada al estudio de los procesos biológicos a escala molecular, particularmente de la estructura, organización y función de las macromoléculas involucradas en la información genética. Integra conocimientos de genética y bioquímica que permiten comprender los mecanismos de expresión génica y las interacciones celulares. Su desarrollo ha fortalecido las aplicaciones científicas relacionadas con la investigación, el diagnóstico y la biotecnología (Hidalgo, 2012; Basulto et al., 2024; Federico & Navarro, 2022).

La microbiota vaginal comprende una comunidad de microorganismos integrada principalmente por bacterias, además de hongos, virus y arqueas que interactúan con el hospedador. Su composición varía según factores hormonales, edad, condiciones fisiológicas y características individuales. En condiciones de equilibrio predominan especies del género *Lactobacillus*, cuya producción de ácido láctico contribuye a mantener la homeostasis vaginal y limitar la proliferación de microorganismos oportunistas (Lehtoranta et al., 2022; Condori-Catachura et al., 2025; Qin et al., 2025).

Las alteraciones en este equilibrio pueden ocasionar una disminución de lactobacilos y un incremento de bacterias anaerobias, generando cambios en la composición y diversidad de la microbiota vaginal. Entre los microorganismos relacionados con estos procesos destacan *Gardnerella*, *Atopobium* y *Prevotella*, cuya presencia y abundancia pueden variar según las condiciones clínicas. Estas modificaciones favorecen estados de disbiosis asociados con distintas infecciones y alteraciones del ecosistema vaginal (Dong et al., 2024; Cheng et al., 2021; Liao et al., 2025).

La vaginosis bacteriana constituye una alteración polimicrobiana caracterizada por la reducción de determinadas especies de *Lactobacillus* y el incremento de microorganismos anaerobios, como *Gardnerella vaginalis*, *Prevotella* y *Mobiluncus*. Esta condición puede modificar el pH vaginal y favorecer cambios en las comunidades bacterianas. Aunque frecuentemente es asintomática, representa una de las principales causas de flujo vaginal anormal en mujeres en edad reproductiva (Salas et al., 2022; Morelli & Gamboa, 2022; Occhipinti et al., 2025).

En este contexto, las técnicas de biología molecular permiten caracterizar la composición de las comunidades microbianas y reconocer microorganismos relacionados con la vaginosis bacteriana. Entre las herramientas utilizadas destacan la reacción en cadena de la polimerasa (PCR), la PCR cuantitativa en tiempo real (qPCR) y la secuenciación genética, que facilitan la identificación de bacterias difíciles de cultivar. Su aplicación complementa los métodos convencionales y amplía el conocimiento de los perfiles asociados con la disbiosis vaginal (Durski et al., 2022; Komiya et al., 2022; Savicheva, 2024).

Abou Chacra et al. (2022) realizaron una revisión narrativa sobre la vaginosis bacteriana y su relación con la composición de la microbiota vaginal. Los autores describieron esta condición como una alteración caracterizada por la disminución de lactobacilos y el incremento de bacterias anaerobias, entre ellas *Gardnerella vaginalis* y *Atopobium vaginae*, además de otros microorganismos asociados. Asimismo, destacaron el potencial de las herramientas moleculares para complementar el diagnóstico convencional y mejorar la caracterización microbiana.

Savicheva (2024) desarrolló una revisión sobre las pruebas moleculares utilizadas en el diagnóstico de la vaginosis bacteriana, destacando la PCR cuantitativa en tiempo real, la secuenciación de nueva generación y la hibridación fluorescente *in situ*. Estas técnicas permiten identificar microorganismos asociados con la disbiosis y analizar la composición de las comunidades bacterianas vaginales. Su aplicación puede aportar información complementaria a los procedimientos clínicos y microscópicos tradicionales, especialmente en muestras con perfiles microbianos complejos.

Por su parte, Savicheva et al. (2023) evaluaron la composición de la microbiota vaginal en 331 mujeres con síntomas vaginales mediante herramientas de análisis molecular. Los resultados evidenciaron diferencias en los perfiles bacterianos asociados con la vaginosis bacteriana, particularmente una disminución de lactobacilos y una mayor representación de microorganismos relacionados con la disbiosis. Los autores señalaron que la caracterización molecular permite obtener información adicional sobre la composición microbiana y complementar los criterios diagnósticos convencionales.

Joseph et al. (2021) analizaron el equilibrio de la microbiota vaginal y las estrategias destinadas a prevenir y tratar la vaginosis bacteriana. Su revisión destacó la importancia de comprender las interacciones entre lactobacilos y microorganismos anaerobios para explicar las alteraciones del ecosistema vaginal. Asimismo, los estudios de Ferreira et al. (2022) y Pacha-Herrera et al. (2022) aportaron evidencia sobre las características microbianas relacionadas con la disbiosis y la participación de distintas especies bacterianas en el ambiente vaginal.

La caracterización molecular de la microbiota asociada con la vaginosis bacteriana posee relevancia clínica por su potencial para mejorar la identificación de microorganismos y comprender las alteraciones relacionadas con esta condición. Aunque el diagnóstico convencional utiliza criterios clínicos y microscópicos, las pruebas moleculares permiten ampliar el análisis de la diversidad y abundancia bacteriana. Sin embargo, su interpretación requiere considerar las diferencias metodológicas y los criterios diagnósticos empleados (Savicheva et al., 2023; Durski et al., 2022; Liao et al., 2025).

Pese a estos avances, la literatura presenta heterogeneidad en las técnicas moleculares utilizadas, los microorganismos identificados y los criterios empleados para interpretar los perfiles de disbiosis vaginal. Estas diferencias dificultan establecer patrones comparables y determinar la contribución de cada método a la caracterización microbiológica y su posible utilidad diagnóstica. En consecuencia, resulta necesario integrar sistemáticamente la evidencia reciente para identificar coincidencias, diferencias y limitaciones de las herramientas moleculares aplicadas al estudio de la vaginosis bacteriana (Savicheva, 2024; Savicheva et al., 2023; Dong et al., 2024).

Por ello, la presente revisión sistemática tiene como objetivo analizar la aplicación de técnicas de biología molecular para caracterizar los microorganismos y perfiles de microbiota vaginal asociados con la vaginosis bacteriana en mujeres adultas, mediante la revisión de artículos científicos publicados en los últimos cinco años. Para alcanzar este propósito, se formularon tres preguntas de investigación orientadas a identificar los microorganismos y las técnicas empleadas, examinar su relación con las características clínicas y evaluar las ventajas de los métodos moleculares frente a los procedimientos tradicionales.

A partir del objetivo planteado, se formularon las siguientes preguntas de investigación: (1) ¿Qué microorganismos conforman la microbiota vaginal asociada con la vaginosis bacteriana en mujeres adultas y qué técnicas de biología molecular se emplean para su caracterización? (2) ¿Qué relación existe entre los perfiles de microbiota vaginal determinados mediante técnicas moleculares y las características clínicas asociadas con la vaginosis bacteriana en mujeres adultas? (3) ¿Qué ventajas presentan las técnicas de biología molecular frente a los métodos tradicionales para la caracterización de la microbiota asociada con la vaginosis bacteriana?

2. Metodología

La investigación se desarrolló mediante una revisión sistemática de la literatura, con enfoque cualitativo, diseño documental y alcance descriptivo. La síntesis de los hallazgos se realizó de manera narrativa y comparativa, siguiendo las recomendaciones de presentación de la declaración PRISMA 2020. El proceso comprendió las fases de identificación, cribado, evaluación de elegibilidad e inclusión de estudios sobre técnicas moleculares aplicadas a la caracterización de la microbiota vaginal asociada con la vaginosis bacteriana en mujeres adultas (Page et al., 2021).

Criterios de inclusión y exclusión

Se incluyeron artículos científicos originales publicados en español e inglés entre 2021 y 2025, cuyos participantes fueron mujeres adultas mayores de 18 años. Las investigaciones debían abordar la aplicación de técnicas de biología molecular para caracterizar la microbiota vaginal asociada con la vaginosis bacteriana. Se consideraron estudios que utilizaron PCR, PCR cuantitativa (qPCR), secuenciación del gen 16S ARNr, secuenciación de nueva generación (NGS), metagenómica u otros procedimientos basados en el análisis de ADN.

También se admitieron investigaciones que proporcionaron información sobre microorganismos asociados con la vaginosis bacteriana, perfiles de microbiota vaginal o modificaciones en la composición de las comunidades microbianas. Asimismo, se consideraron estudios que compararon técnicas moleculares con métodos diagnósticos convencionales, siempre que sus resultados permitieran responder al menos una de las preguntas de investigación. La selección se orientó hacia publicaciones que aportaron datos primarios pertinentes para la caracterización microbiológica de esta condición.

Se excluyeron informes de casos individuales, revisiones narrativas, revisiones sistemáticas, metaanálisis, editoriales, cartas al editor, resúmenes de congresos, capítulos de libro y libros completos. También se descartaron investigaciones centradas exclusivamente en otras infecciones ginecológicas cuando los resultados correspondientes a la vaginosis bacteriana no pudieron analizarse de forma independiente. Asimismo, se excluyeron estudios que utilizaron únicamente métodos convencionales sin incorporar procedimientos de caracterización molecular de la microbiota vaginal.

Se descartaron investigaciones enfocadas exclusivamente en tratamientos farmacológicos, probióticos u otras intervenciones terapéuticas cuando no proporcionaron información pertinente sobre la composición de la microbiota vaginal. También se excluyeron registros duplicados, artículos sin acceso al texto completo y publicaciones cuya información metodológica o resultados fueron insuficientes para identificar las técnicas moleculares empleadas. Estos criterios permitieron delimitar la selección de estudios de acuerdo con el objetivo y las preguntas de investigación.

Para estructurar las preguntas de investigación y orientar la estrategia de búsqueda bibliográfica, se utilizó el modelo PICOS, que permitió definir la población, la intervención o exposición, los comparadores, los resultados y los diseños de estudio considerados. Su aplicación facilitó la delimitación de los criterios de elegibilidad y la identificación de investigaciones relacionadas con la caracterización molecular de la microbiota vaginal. Los componentes utilizados se presentan en la tabla 1.

Tabla 1

Criterios considerados para cada componente PICOS

Componente	Criterios considerados
P (Población)	Mujeres mayores de 18 años con diagnóstico confirmado o sospecha clínica de vaginosis bacteriana, así como mujeres con alteraciones de la microbiota vaginal compatibles con estados de disbiosis.
I (Intervención/exposición)	Aplicación de técnicas de biología molecular para caracterizar la microbiota vaginal, incluyendo reacción en cadena de la polimerasa (PCR), PCR cuantitativa (qPCR), secuenciación del gen 16S ARNr, secuenciación de nueva generación (NGS), metagenómica y otros procedimientos basados en el análisis de ADN.
C (Comparador)	Métodos convencionales empleados en el diagnóstico o caracterización de la vaginosis bacteriana, como criterios de Amsel, puntuación de Nugent, cultivo microbiológico y microscopía, cuando fueron comparados con técnicas moleculares. También se consideraron comparaciones entre mujeres con microbiota vaginal conservada y aquellas con disbiosis asociada con vaginosis bacteriana. La presencia de un comparador no constituyó un requisito obligatorio para todos los estudios.
O (Resultados)	Identificación de microorganismos y perfiles de microbiota vaginal asociados con la vaginosis bacteriana, incluyendo modificaciones en la composición microbiana, disminución de especies del género *Lactobacillus* e incremento de microorganismos relacionados con la disbiosis, como *Gardnerella vaginalis*, *Fannyhessea vaginae*, *Prevotella* spp. y *Mobiluncus* spp. También se consideraron los resultados sobre utilidad diagnóstica, precisión y ventajas de las técnicas moleculares frente a métodos convencionales.
S (Diseño de estudio)	Investigaciones originales de diseño observacional o experimental que proporcionaron datos primarios sobre caracterización molecular de la microbiota vaginal asociada con vaginosis bacteriana. Se consideraron estudios transversales, de casos y controles, cohortes, estudios comparativos y otras investigaciones primarias pertinentes.

Nota. PICOS: población, intervención o exposición, comparador, resultados y diseño del estudio; PCR: reacción en cadena de la polimerasa; qPCR: reacción en cadena de la polimerasa cuantitativa; NGS: secuenciación de nueva generación; ARNr: ácido ribonucleico ribosómico; spp.: varias especies de un mismo género.

Estrategia de búsqueda

Se efectuó una búsqueda bibliográfica en las bases de datos Scopus y PubMed, seleccionadas por su cobertura de publicaciones científicas en microbiología, salud reproductiva y diagnóstico molecular. La estrategia se estructuró mediante tres conceptos principales: microbiota vaginal, vaginosis bacteriana y técnicas de biología molecular. Se incorporaron términos relacionados con PCR, qPCR, secuenciación del gen 16S ARNr, secuenciación de nueva generación y metagenómica.

Los términos de búsqueda se combinaron mediante los operadores booleanos AND y OR, considerando las particularidades de cada base de datos. Se utilizaron expresiones en inglés correspondientes a los conceptos principales y se adaptó la sintaxis a los campos de búsqueda disponibles. El proceso permitió identificar inicialmente 132 registros, de los cuales 125 procedieron de Scopus y 7 de PubMed. Las ecuaciones empleadas y los registros recuperados se presentan en la tabla 2.

El proceso de selección se desarrolló mediante la revisión de títulos, resúmenes y palabras clave, con el propósito de identificar publicaciones potencialmente relacionadas con los criterios de elegibilidad. Posteriormente, se examinó el texto completo de los artículos seleccionados para comprobar su pertinencia respecto al objetivo del estudio. La selección se organizó de acuerdo con las fases establecidas en PRISMA 2020, considerando los criterios previamente definidos (Page et al., 2021).

Tabla 2

Bases de datos y estrategias de búsqueda bibliográfica

Base de datos	Cadena de búsqueda	Registros identificados
Scopus	(TITLE-ABS-KEY("vaginal microbiota" OR "vaginal microbial community") AND TITLE-ABS-KEY("bacterial vaginosis") AND TITLE-ABS-KEY("molecular biology" OR PCR OR "polymerase chain reaction" OR qPCR OR "16S rRNA sequencing" OR "16S ribosomal RNA" OR "next generation sequencing" OR NGS OR metagenomic* OR "DNA sequencing")) AND (LIMIT-TO(LANGUAGE,"English") OR LIMIT-TO(LANGUAGE,"Spanish")) AND LIMIT-TO(DOCTYPE,"ar") AND PUBYEAR > 2020 AND PUBYEAR < 2026	125
PubMed	(("vaginal microbiota" OR "vaginal microbial community") AND ("bacterial vaginosis") AND ("molecular biology" OR PCR OR "polymerase chain reaction" OR qPCR OR "16S rRNA sequencing" OR "16S ribosomal RNA" OR "next generation sequencing" OR NGS OR metagenomic* OR "DNA sequencing"))	7
Total		132

Nota. Las cadenas se reprodujeron conforme a la información metodológica disponible. AND y OR corresponden a operadores booleanos utilizados para combinar términos de búsqueda. Los registros identificados representan los resultados iniciales, antes de eliminar duplicados y aplicar los criterios de elegibilidad.

Evaluación de la calidad de los estudios

La calidad metodológica y el riesgo de sesgo de los estudios seleccionados se evaluaron mediante instrumentos específicos, considerando el diseño y las características de cada investigación. Para determinados estudios transversales se utilizó la herramienta AXIS, mientras que otros estudios observacionales analíticos fueron examinados mediante las listas de verificación del Joanna Briggs Institute (JBI). Los estudios de cohortes y casos y controles se valoraron mediante la escala Newcastle-Ottawa (NOS), según su correspondencia metodológica.

Los estudios cuasiexperimentales se evaluaron mediante las herramientas de valoración crítica del JBI correspondientes a su diseño, mientras que los estudios observacionales no aleatorizados de intervención se examinaron mediante ROBINS-I, cuando resultó aplicable. Para los ensayos clínicos aleatorizados se utilizó Cochrane Risk of Bias 2 (RoB 2). Los estudios de precisión diagnóstica se evaluaron mediante QUADAS-2, considerando los dominios de selección de participantes, prueba índice, estándar de referencia y flujo y tiempos.

Los estudios que desarrollaron o validaron modelos de predicción se examinaron mediante PROBAST, considerando los dominios correspondientes a participantes, predictores, resultados y análisis. La valoración se realizó de acuerdo con los criterios establecidos por cada instrumento, respetando sus categorías específicas de evaluación. Los resultados de estas evaluaciones se utilizaron para determinar las limitaciones metodológicas de los estudios y valorar la confianza en los hallazgos incluidos en la síntesis.

Métodos de síntesis y organización de la información

Para sistematizar la evidencia, se elaboró una matriz de extracción que incluyó autor, año de publicación, diseño metodológico, tamaño de muestra, técnica molecular utilizada y microorganismos identificados. También se registraron los perfiles de microbiota vaginal, las características clínicas asociadas, los métodos diagnósticos convencionales empleados como comparadores y los principales resultados. Esta organización permitió reunir de manera estructurada la información pertinente de los estudios seleccionados.

Los hallazgos se organizaron según las tres preguntas de investigación, considerando los microorganismos y perfiles microbianos identificados, su relación con las características clínicas y las ventajas descritas de las técnicas moleculares frente a los métodos tradicionales. Se realizó una síntesis narrativa y comparativa para identificar coincidencias, diferencias y limitaciones entre las investigaciones. La interpretación consideró la heterogeneidad de los diseños, procedimientos moleculares y criterios diagnósticos utilizados.

3. Resultados

Selección de estudios

La selección de estudios se desarrolló conforme a las recomendaciones de la declaración PRISMA 2020. Durante la fase de identificación se recuperaron 132 registros procedentes de Scopus (n = 125) y PubMed (n = 7). Posteriormente, se identificaron y eliminaron 9 registros duplicados, por lo que se obtuvieron 123 registros únicos para la fase de cribado. Este procedimiento permitió organizar la evidencia recuperada de acuerdo con los criterios de elegibilidad establecidos.

Durante el cribado se examinaron los títulos, resúmenes y palabras clave de los 123 registros identificados, considerando su pertinencia respecto al objetivo de la investigación. Como resultado, se excluyeron 86 registros que no cumplieron los criterios establecidos y se seleccionaron 37 documentos para intentar recuperar su texto completo. De estos, 9 no pudieron recuperarse, por lo que 28 artículos fueron sometidos a la evaluación de elegibilidad.

En la evaluación del texto completo se identificaron 4 estudios con alto riesgo de sesgo, los cuales fueron excluidos conforme al criterio metodológico establecido. En consecuencia, la revisión sistemática quedó conformada por 24 estudios que cumplieron los criterios de selección. La figura 1 presenta el proceso de identificación, eliminación de duplicados, cribado, recuperación de documentos, evaluación de elegibilidad e inclusión definitiva de las investigaciones, de acuerdo con el diagrama PRISMA 2020.

Riesgo de sesgo

La evaluación del riesgo de sesgo se realizó en los 28 estudios sometidos a elegibilidad mediante herramientas específicas según sus diseños metodológicos. Los resultados mostraron que 13 investigaciones presentaron bajo riesgo de sesgo, 11 riesgo moderado y 4 alto riesgo. En los estudios prospectivos predominó el bajo riesgo, identificado en 7 investigaciones, mientras que 1 presentó riesgo moderado. Por su parte, entre los estudios transversales, 3 fueron clasificados con bajo riesgo y 5 con riesgo moderado.

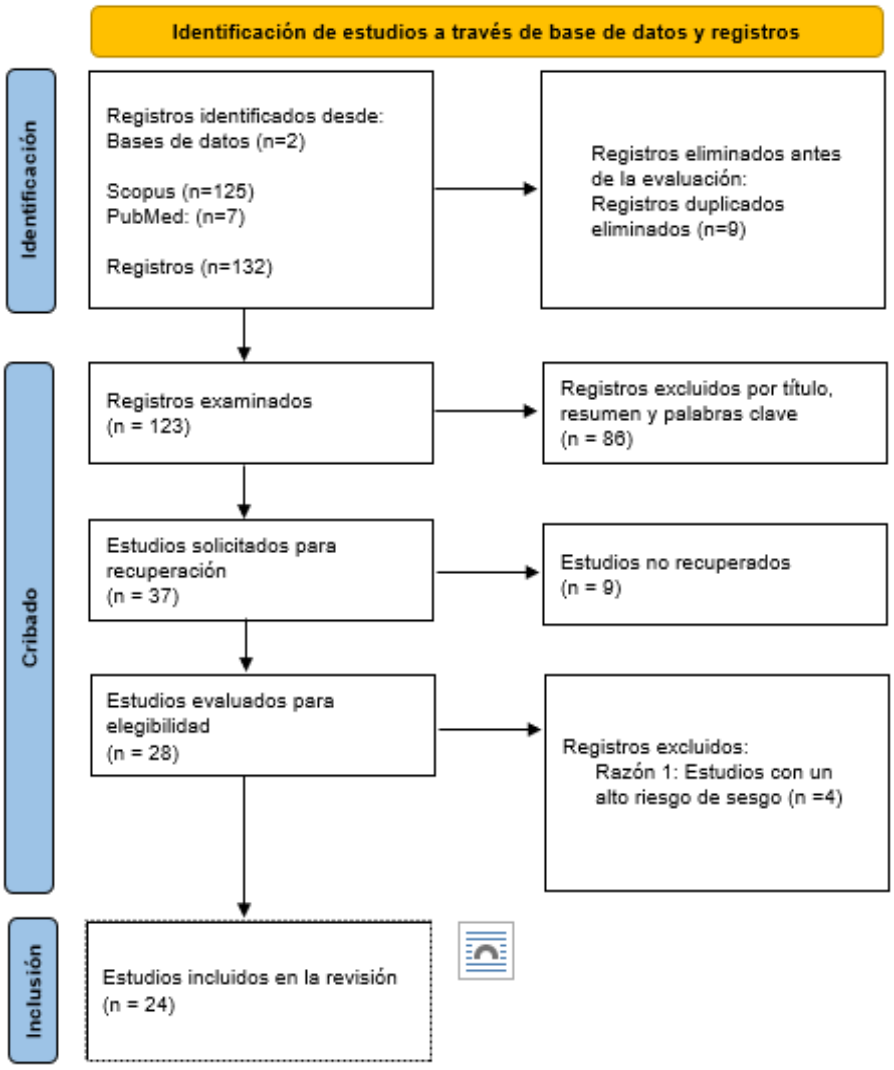
En los ensayos clínicos se identificaron 2 estudios con riesgo moderado y 1 con alto riesgo, mientras que los estudios cuasiexperimentales registraron 1 con bajo riesgo y 1 con riesgo moderado. Entre las investigaciones observacionales longitudinales con evaluación pre-post intervención, 1 presentó riesgo moderado y 1 alto riesgo. Asimismo, los estudios de precisión diagnóstica mostraron resultados diferenciados, con 1 investigación clasificada con bajo riesgo y otra con alto riesgo.

El estudio de prueba diagnóstica y modelo predictivo presentó alto riesgo de sesgo, mientras que la investigación observacional de casos y controles múltiples fue clasificada con riesgo moderado. Por su parte, el estudio observacional restante presentó bajo riesgo. Conforme a los criterios de selección, se excluyeron los 4 estudios con alto riesgo de sesgo, por lo que la síntesis final incluyó 24 investigaciones, distribuidas en 13 con bajo riesgo y 11 con riesgo moderado.

La figura 2 presenta la distribución del riesgo de sesgo según el diseño metodológico de los estudios evaluados. La representación permite identificar las diferencias entre los tipos de investigación y las categorías de riesgo asignadas. En conjunto, los resultados evidenciaron que los estudios finalmente incluidos se concentraron en las categorías de riesgo bajo y moderado, aunque la presencia de limitaciones metodológicas debió considerarse durante la interpretación de los hallazgos.

Figura 1

Diagrama de flujo PRISMA 2020

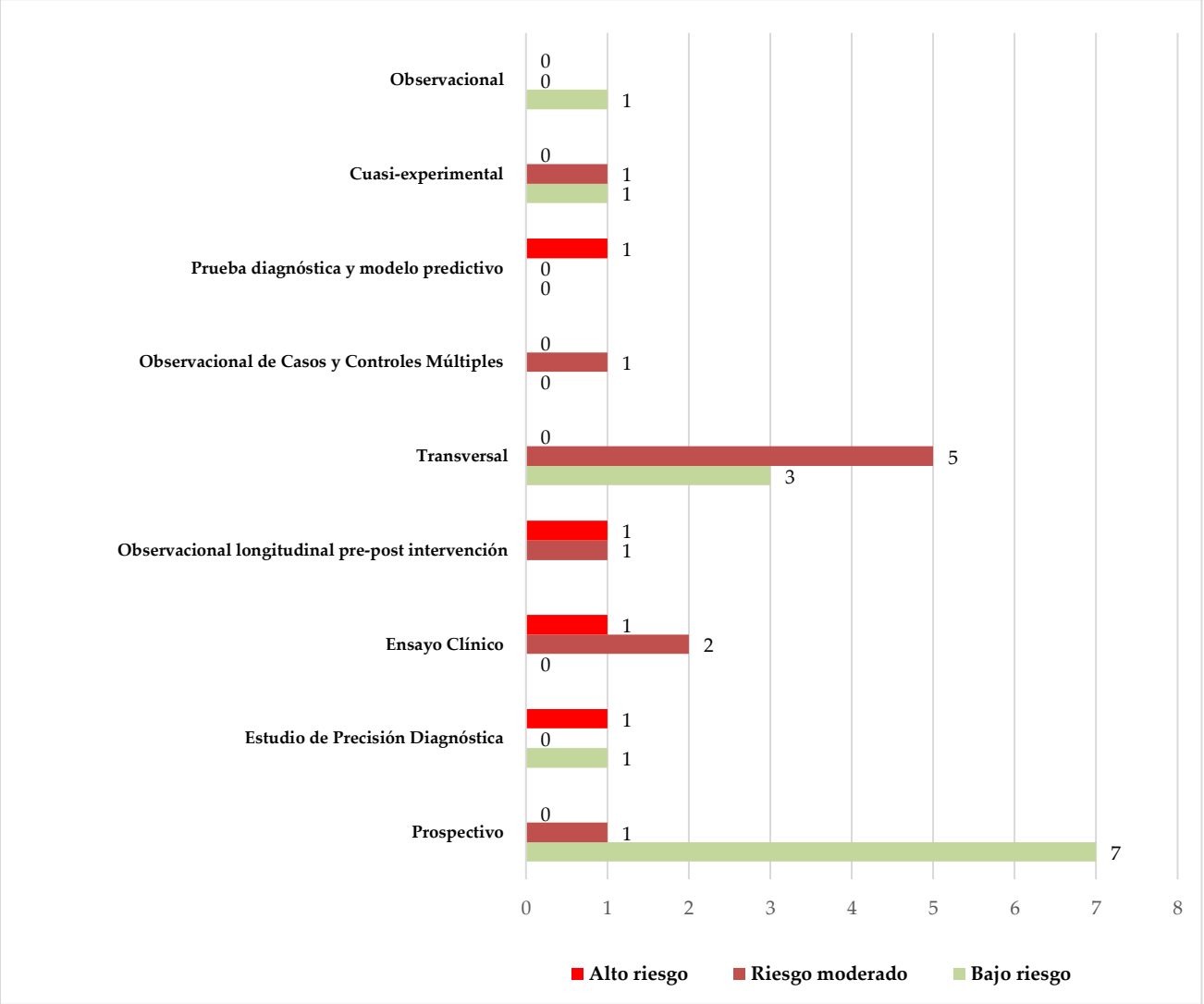


Caracterización de la microbiota vaginal, técnicas moleculares, asociaciones clínicas y ventajas diagnósticas en la vaginosis bacteriana

Los 24 estudios incluidos presentaron diferentes enfoques para caracterizar la microbiota vaginal asociada con la vaginosis bacteriana, mediante técnicas de biología molecular. Las investigaciones emplearon principalmente PCR, qPCR, secuenciación del gen 16S ARNr y ensayos multiplex, que permitieron identificar microorganismos y describir variaciones en los perfiles microbianos. Estas herramientas aportaron información sobre la composición de las comunidades bacterianas vaginales y las alteraciones relacionadas con estados de disbiosis.

Figura 2

Riesgo de sesgo de los estudios evaluados



Los estudios también examinaron, según sus respectivos objetivos, las relaciones entre los perfiles microbianos identificados y las características clínicas asociadas con la vaginosis bacteriana. Algunas investigaciones incorporaron comparaciones entre procedimientos moleculares y métodos diagnósticos convencionales, mientras que otras se concentraron en la identificación y caracterización de microorganismos. Esta diversidad permitió abordar distintos componentes del objetivo de la revisión, aunque limitó la comparación directa de los resultados entre investigaciones.

La tabla 3 presenta las características de los estudios incluidos, considerando autor y año, diseño metodológico, tamaño de muestra y técnicas de biología molecular empleadas. Asimismo, reúne los microorganismos y perfiles microbianos identificados, las asociaciones clínicas reportadas y las ventajas descritas de los procedimientos moleculares frente a los métodos tradicionales. Esta organización permitió relacionar los hallazgos con las tres preguntas de investigación y reconocer las diferencias metodológicas entre los estudios.

Tabla 3

Caracterización molecular del microbiota vaginal asociada con la vaginosis bacteriana en mujeres adultas

Autor,	Diseño / muestra	Técnica molecular	Microorganismos identificados	Perfil de microbiota vaginal	Características clínicas asociadas	Método tradicional / comparador	Ventajas de la técnica molecular	Principales hallazgos
Liao et al. (2025)	Estudio de caracterización; 60 mujeres de 23–44 años, distribuidas en controles sanos, microbiota intermedia y VB.	Secuenciación de amplicones del gen 16S rRNA.	Lactobacillus crispatus, L. iners, Gardnerella, Prevotella, Fannyhessea y otros anaerobios.	Mujeres sanas: predominio de Lactobacillus; estado intermedio: reducción de lactobacilos con predominio de L. iners y aumento de anaerobios; VB: predominio de Gardnerella, Prevotella y Fannyhessea.	Los perfiles microbianos variaron según las categorías de Nugent: normal, intermedia y VB.	Puntuación de Nugent y pruebas tradicionales de microecología vaginal.	Detecta bacterias difíciles o imposibles de cultivar y caracteriza con mayor amplitud la diversidad y estructura de comunidades microbianas complejas.	La VB mostró mayor diversidad y una transición desde una microbiota dominada por lactobacilos hacia una comunidad rica en anaerobios asociados con disbiosis.
Sirichoat et al. (2025)	Longitudinal; N = 40 mujeres: 20 con VB y 20 controles; pacientes con VB evaluadas antes, después del tratamiento y al mes.	NGS del gen 16S rRNA mediante Ion Torrent PGM	Gardnerella, Prevotella, Fannyhessea, Megasphaera y Lactobacillus spp.; en controles predominó L. iners.	Antes del tratamiento predominó una comunidad diversa rica en anaerobios; tras metronidazol aumentó Lactobacillus. El fracaso terapéutico conservó un perfil dominado por Gardnerella.	A un mes, 16 mujeres fueron clasificadas como curadas y 4 como fracaso terapéutico según Nugent; la VB también se relacionó con flujo vaginal anormal y otros factores clínicos/conductuales.	Puntuación de Nugent y criterios de Amsel.	Permitió identificar 101 especies y seguir longitudinalmente las modificaciones comunitarias, incluidas bacterias difíciles de cultivar.	En pretratamiento predominaron Gardnerella (28.5%), Prevotella (18.4%) y Fannyhessea (12.7%); tras tratamiento Lactobacillus alcanzó 81.9%, y en las curadas 95.9%. Los fracasos conservaron Gardnerella

								(45.7%), Fannyhessea (16.6%) y Prevotella (16.0%).
Cho et al. (2025)	Ensayo clínico multicéntrico aleatorizado; N = 288; FAS = 252 y análisis PP = 211.	PCR semicuantitativa para 12 patógenos	Gardnerella vaginalis, Mycoplasma hominis, M. genitalium, Ureaplasma urealyticum, U. parvum, Chlamydia trachomatis, Candida albicans, HSV-2 y otros patógenos incluidos en el panel.	No realizó caracterización integral del perfil comunitario; evaluó cambios de patógenos específicos antes y después de la intervención.	Se evaluaron Nugent, pH, sequedad, prurito, ardor, cambios en el flujo, disuria y dispareunia.	Nugent, tinción de Gram, cultivo, pH y tratamiento farmacológico convencional.	La PCR permitió detectar y seguir semicuantitativamente patógenos específicos; no se evaluó como método para caracterización global de la microbiota.	El agua activada por plasma fue no inferior al tratamiento convencional para la reducción de Nugent. No hubo diferencias significativas en la reducción de G. vaginalis (24.0% vs. 17.1%, p = .412), C. albicans (55.4% vs. 36.7%, p = .078) u otros patógenos evaluados.
Qin et al. (2025)	Transversal poblacional; N = 6,755 mujeres chinas.	Secuenciación del gen 16S rRNA.	L. crispatus, L. iners, L. gasseri, L. jensenii, Gardnerella vaginalis, Fannyhessea vaginae, Prevotella spp., Sneathia, BVAB1, Megasphaera, Dialister y otros anaerobios.	Se identificaron 13 Vagitypes; cuatro estuvieron dominados por especies de Lactobacillus y otros presentaron predominio de bacterias asociadas con disbiosis y VB.	La VB fue la variable con mayor efecto sobre la composición de la microbiota. También se observaron asociaciones con edad, menopausia, paridad, hábitos e indicadores reproductivos.	Diagnóstico clínico de VB y variables ginecológicas, fisiológicas y ambientales.	Permitió caracterizar a gran escala patrones comunitarios y relacionarlos simultáneamente con múltiples variables clínicas y ambientales.	En VB disminuyeron L. crispatus y L. iners, mientras aumentaron G. vaginalis y otras bacterias anaerobias. Los Vagitypes dominados por L. iners o L. jensenii presentaron mayor tasa de nacimiento vivo que el dominado por F. vaginae.

Armstrong et al. (2025)	Transversal; N = 196 mujeres en Kenia, con cohorte confirmatoria en Uganda.	Secuenciación del gen 16S rRNA combinada con qPCR para carga bacteriana total.	L. crispatus, L. iners, L. gasseri, L. jensenii, G. vaginalis, F. vaginae, Streptococcus spp., Staphylococcus spp. y otras bacterias asociadas con CST IV.	CST I estuvo dominado por L. crispatus, CST III por L. iners y CST IV correspondió a microbiota diversa tipo VB con mayor carga bacteriana.	La carga bacteriana total se asoció positivamente con IL-1α y otros marcadores inflamatorios; G. vaginalis y F. vaginae se asociaron con mayor inflamación genital.	Puntuación de Nugent y clasificación molecular por CST.	La cuantificación absoluta añadió información que no proporcionan las abundancias relativas y mostró potencial como medida rápida y económica de ambientes vaginales no óptimos.	La carga bacteriana fue mayor en VB por Nugent y VB molecular, p < .0001; predijo VB por Nugent con AUC = .909 y VB molecular con AUC = .860.
Filardo et al. (2024)	Prospectivo observacional pre-post; 50 mujeres: 13 con VB asintomática y 37 con microbiota saludable.	Metagenómica del 16S rRNA; amplificación V3–V4 y secuenciación Illumina MiSeq.	Gardnerella vaginalis, Fannyhessea vaginae, Megasphaera spp., Streptococcus spp. y Lactobacillus spp.	En VB predominaron CST-IV B (G. vaginalis, F. vaginae) y CST-IV C (Streptococcus spp.); tras probióticos disminuyeron diversidad y Megasphaera, mientras aumentaron los lactobacilos.	Mujeres con VB asintomática diagnosticada mediante puntuación de Nugent.	Tinción de Gram y puntuación de Nugent.	Permite caracterizar diversidad, abundancia relativa y CST, así como detectar cambios de la microbiota después de una intervención.	Tras dos meses de probióticos se redujo la diversidad y riqueza en mujeres con VB, disminuyó Megasphaera spp. y aproximadamente se duplicó Lactobacillus spp.
Valint et al. (2024)	Longitudinal; 22 mujeres con VB, 32 cursos de tratamiento y muestreo diario durante 2 semanas.	qPCR específica dirigida al gen 16S rRNA para 13 taxones asociados con riesgo de VIH, más Gardnerella spp.	Prevotella amnii, Sneathia spp., Mycoplasma hominis, Megasphaera lornae, M. hutchinsoni, Amygdalobacter indicium, Peptoniphilus lacrimalis, Parvimonas spp., Gemella asaccharolytica, Eggerthella-like sp., Vaginal TM7 y Gardnerella spp., entre	La VB presentó un consorcio anaerobio complejo; durante metronidazol disminuyeron las concentraciones bacterianas de todos los taxones evaluados.	Los taxones estudiados se han relacionado con mayor riesgo de adquisición del VIH; la respuesta al metronidazol varió según el microorganismo.	Diagnóstico clínico por Amsel, Nugent y ensayo microbiológico para confirmar exposición a metronidazol.	Permitió cuantificar de forma absoluta y específica los cambios diarios de cada taxón sin necesidad de cultivar microorganismos fastidiosos.	Las concentraciones disminuyeron entre 2.25 y 4.78 log10; el tiempo medio de supresión osciló entre 1.2 y 7.9 días. Sneathia spp., Vaginal TM7 y Eggerthella-like sp. requirieron >7

			otros.					días; Gardnerella spp. no fue suprimida completamente.
Schuster et al. (2024)	Cohorte prospectiva; N = 154 mujeres embarazadas con antecedente de parto pretérmino espontáneo; 26 (16.9%) presentaron recurrencia.	Secuenciación de 16S rDNA y qPCR específica para especies de Gardnerella.	L. crispatus, L. gasseri, L. iners, L. jensenii, Gardnerella vaginalis, G. leopoldii, G. piotii, G. swidsinskii, Fannyhessea vaginae y BVAB1.	Se identificaron cinco CST. Durante la gestación aumentó la proporción de microbiota dominada por L. iners y disminuyeron las comunidades diversas, cambio que coincidió con el tratamiento de la VB.	La composición global de la microbiota vaginal no se asoció significativamente con parto pretérmino espontáneo recurrente.	Puntuación de Nugent, cultivo cervicovaginal y atención clínica convencional para detección y tratamiento de VB.	La secuenciación permitió caracterizar CST y la qPCR diferenciar especies de Gardnerella que no pueden distinguirse mediante los métodos convencionales.	Se detectó al menos una especie de Gardnerella en 86.2% de las muestras. G. leopoldii y G. vaginalis se asociaron con mayor presencia de CST IV, $p < .001$ y $p = .007$, respectivamente. Sin embargo, la composición global de la microbiota no mostró asociación con parto pretérmino espontáneo recurrente.
Ardizzone et al. (2023)	Observacional; mujeres con infección por Chlamydia trachomatis, 39 (80 %) diagnosticadas además con VB.	Secuenciación del gen 16S rRNA; qPCR para carga de C. trachomatis.	Lactobacillus crispatus, L. iners, Prevotella bivia y bacterias anaerobias asociadas con VB.	CST I dominado por L. crispatus, CST III por L. iners y CST IV por anaerobios asociados con VB.	La carga de C. trachomatis se relacionó negativamente con L. crispatus y positivamente con P. bivia; la resolución de la VB tras metronidazol se acompañó de reducción de la carga de C. trachomatis.	Criterios de Amsel, puntuación de Nugent y clasificación VALENCIA.	Permite identificar especies y patrones comunitarios específicos que no son diferenciados únicamente por los criterios clínicos o microscópicos.	La clasificación global de VB por Amsel o Nugent no predijo de forma consistente la carga de C. trachomatis, mientras que la abundancia de especies concretas sí mostró

								asociaciones.
Babu et al. (2023)	Estudio cruzado longitudinal; n = 41 mujeres con antecedente de VB y seropositividad para HSV-2.	qPCR específica para bacterias y PCR para HSV-2.	Lactobacillus crispatus, L. jensenii, L. iners, Gardnerella spp., Megasphaera spp. y BVAB-2.	Se cuantificaron bacterias asociadas con microbiota saludable y con VB durante periodos sin y con valaciclovir.	La supresión de HSV-2 no modificó significativamente la presencia de VB ni las concentraciones bacterianas. El flujo vaginal fue más frecuente en días con VB.	Puntuación de Nugent y tinción de Gram.	Permitió cuantificar de forma específica la concentración absoluta de bacterias asociadas con salud y VB durante el seguimiento.	La VB ocurrió en 31.1% de los días durante observación y 27.7% durante valaciclovir, RR = 0.90, 95% CI [0.68, 1.20]. No se observaron cambios significativos en las concentraciones de Gardnerella, Megasphaera, BVAB-2 o Lactobacillus spp.
Xu et al. (2022)	Transversal; 423 muestras vaginales.	Secuenciación del gen 16S rRNA.	Gardnerella vaginalis, Atopobium, Prevotella, Sneathia, Megasphaera, entre otros; Lactobacillus iners.	Mayor diversidad microbiana en los grupos con VB, HPV y CIN; enriquecimiento de L. iners en mujeres con HPV.	Asociación entre VB, infección por HR-HPV y neoplasia intraepitelial cervical; L. iners se relacionó con el estado de infección por HPV.	Evaluación clínica de VB y estado HPV/CIN.	Permite determinar diversidad, composición y abundancia de la comunidad vaginal e identificar taxones vinculados con disbiosis.	La VB se asoció con alteraciones de la microbiota y con CIN; el enriquecimiento de L. iners podría contribuir al mantenimiento de la disbiosis vaginal.
Pacha-Herrera et al. (2022)	Observacional; 436 mujeres ecuatorianas de 18–56 años	PCR específica para especies	Lactobacillus iners, L. crispatus, L. gasseri, L. jensenii y L. acidophilus; análisis adicional frente a Gardnerella, Fannyhessea vaginae y Mobiluncus spp.	La microbiota saludable mostró mayor presencia de determinadas especies de Lactobacillus; consorcios de L. iners, L. jensenii, L. gasseri y L. acidophilus se	L. acidophilus fue significativamente más frecuente en microbiota saludable frente a VB; determinados perfiles de lactobacilos se relacionaron con secreción vaginal y	Clasificación clínica/microbiológica de microbiota saludable, intermedia y disbiosis vaginal.	La PCR permite identificar especies específicas de Lactobacillus y analizar asociaciones individuales y multiespecie que no se obtienen únicamente con una clasificación global de	La presencia conjunta de varias especies de Lactobacillus mostró asociación protectora frente a VB; la pérdida de L. gasseri y L. acidophilus redujo este efecto.

				asociaron con protección frente a VB.	antecedentes de tratamiento antimicrobiano.		la microbiota.	
Durski et al. (2022)	Estudio de precisión diagnóstica; N = 512 mujeres en edad reproductiva con datos completos de microscopía y secuenciación.	Secuenciación V3–V4 del gen 16S rRNA mediante Illumina MiSeq.	Lactobacillus crispatus, L. gasseri, L. iners, L. jensenii y comunidades anaerobias correspondientes a CST IV.	Los CST I, II, III y V fueron dominados por diferentes especies de Lactobacillus; el CST IV correspondió a VB molecular.	La VB molecular se identificó en 139 (27.1%) participantes.	Nugent y criterios microscópicos de Donders.	Proporcionó mayor resolución de la composición bacteriana y permitió identificar CST que pueden ser interpretados erróneamente mediante microscopía.	Nugent presentó mayor concordancia con VB molecular, AUC = .88, 95% CI [0.84, 0.91], que Donders-BV/AV, AUC = .84, 95% CI [0.80, 0.87], p = .005.
Armstrong et al. (2022)	Subestudio longitudinal de ensayo clínico; n = 48 mujeres con VB tratadas con metronidazol tópico.	Secuenciación metagenómica y qPCR dirigida; ELISA multiplex complementario.	Gardnerella vaginalis, Prevotella spp., Fannyhessea vaginae, Megasphaera spp., L. crispatus, L. iners, L. jensenii y L. gasseri.	Tras el tratamiento, la microbiota cambió hacia predominio de L. iners o L. jensenii, principalmente por reducción de bacterias asociadas con VB.	La disminución de bacterias asociadas con VB se relacionó con reducción de citocinas proinflamatorias y marcadores de alteración de la barrera epitelial.	Criterios de Amsel y puntuación de Nugent.	La combinación de metagenómica y qPCR permitió diferenciar abundancia relativa de abundancia absoluta y establecer qué cambios microbianos explicaron la respuesta inmunológica.	El metronidazol redujo G. vaginalis, Prevotella, F. vaginae y Megasphaera entre aproximadamente 2 y 4 log10, p < .001, sin incremento sustancial de la abundancia absoluta de L. crispatus o L. iners.
Komiya et al. (2022)	Estudio de factibilidad; n = 18 mujeres premenopáusicas.	Secuenciación de longitud completa del gen 16S rRNA mediante MinION nanopore.	Diferentes especies de Lactobacillus, además de Gardnerella, Fannyhessea/Atopobium, Prevotella y Streptococcus.	Predominó una microbiota de baja diversidad dominada por distintas especies de Lactobacillus; en algunos casos intermedios se detectaron	Ninguna participante fue diagnosticada con VB por Nugent, aunque cuatro presentaron microbiota intermedia.	Puntuación de Nugent y comparación con secuenciación corta V3–V4.	Permitió identificación a nivel de especie, resultados en aproximadamente 4 horas y detección de bacterias difíciles de identificar mediante microscopía o cultivo.	MinION identificó bacterias asociadas con VB en muestras clasificadas como intermedias por Nugent y proporcionó

				bacterias asociadas con VB.				mayor resolución taxonómica con resultados el mismo día.
Ferreira et al. (2022)	Transversal; N = 140 mujeres en edad reproductiva no embarazadas.	Secuenciación V3–V4 del gen 16S rRNA mediante Illumina MiSeq.	Lactobacillus crispatus, L. gasseri, L. iners, L. jensenii, Prevotella spp., Leptotrichia amnionii, Megasphaera sp., Mobiluncus curtisii, Mageeibacillus indolicus (BVAB3), Gardnerella spp., Lactobacillus helveticus y Bifidobacterium breve.	Se identificaron CST I, II, III y V dominados por diferentes especies de Lactobacillus y CST IV con depleción de lactobacilos, considerado VB molecular. La presencia de actividad sialidasa se relacionó con mayor diversidad bacteriana.	La actividad sialidasa se asoció con pH vaginal más elevado y VB. De 34 mujeres con actividad sialidasa, 31 (91.2%) presentaron VB por Nugent y 30 (88.2%) presentaron VB molecular.	Puntuación de Nugent, pH vaginal y ensayo fluorométrico de actividad sialidasa.	Permitió clasificar la microbiota en CST e identificar taxones específicos enriquecidos en la VB molecular que no pueden diferenciarse mediante la valoración microscópica.	Se identificó VB molecular en 44 (31.4%) participantes. En las muestras con actividad sialidasa se enriquecieron 24 taxones, incluidos siete del género Prevotella. La diversidad fue mayor en muestras sialidasa-positivas, mediana = 1.90, frente a 1.16 en las negativas, p < .001.
Armstrong et al. (2022)	Subestudio de ensayo clínico aleatorizado controlado; n = 66 mujeres de 18–45 años, 32 tratadas con LACTIN-V y 34 con placebo.	qPCR dirigida para cuantificación absoluta de bacterias vaginales.	Lactobacillus crispatus, L. crispatus CTV-05, L. iners, L. gasseri, L. jensenii, Gardnerella vaginalis, Fannyhessea vaginae [antes Atopobium vaginae], Megasphaera spp. y Prevotella spp.	El tratamiento con LACTIN-V favoreció una microbiota con mayor abundancia de L. crispatus y L. gasseri y menor abundancia de bacterias anaerobias asociadas con VB.	Una mayor abundancia de L. crispatus y menor presencia de anaerobios se relacionaron con reducción de inflamación genital y de marcadores de alteración de la barrera epitelial.	Criterios de Amsel, puntuación de Nugent y placebo después del tratamiento estándar con metronidazol.	La qPCR permitió cuantificar la abundancia absoluta de taxones específicos y relacionar sus cambios con marcadores inmunológicos, evitando depender exclusivamente de abundancias relativas.	LACTIN-V se asoció con mayor abundancia de L. crispatus, p = .002, y L. gasseri, p = .024, y menor abundancia de Prevotella spp., p = .047. L. crispatus fue detectado a las 13 semanas posteriores al tratamiento en

								68.8% del grupo LACTIN-V frente a 31.2% del placebo, p < .001.
Mitchell et al. (2021)	Comparativo; 220 mujeres premenopáusicas y 144 posmenopáusicas.	Secuenciación del gen 16S rRNA; pirosecuenciación 454 de V3–V4.	Gardnerella, Atopobium/Fannyhessea, Sneathia, Megasphaera, Prevotella y Lactobacillus spp.	En premenopáusicas, 33 taxones se correlacionaron con Nugent; en posmenopáusicas solo 11, entre ellos Prevotella.	El significado de una puntuación elevada de Nugent varió según el estado menopáusico; en posmenopáusicas no representó necesariamente una microbiota típica de VB.	Puntuación de Nugent, tinción de Gram y criterios de Amsel.	Proporciona una resolución taxonómica más detallada que la evaluación morfológica mediante tinción de Gram.	La concordancia entre Nugent y el perfil molecular fue mayor en mujeres premenopáusicas; un Nugent elevado no debe interpretarse automáticamente como VB en mujeres posmenopáusicas.
Lehtoranta et al. (2021)	Estudio piloto observacional; 30 mujeres sanas y 30 con VB; 122 muestras longitudinales, 94 aptas para secuenciación y 21 con lecturas suficientes para análisis micológico	PCR y secuenciación de la región ITS2 mediante Illumina MiSeq.	Principalmente Candida albicans; también Candida/Clavispora lusitaniae, C. parapsilosis, C. sake, C. dubliniensis y otros hongos.	La micobiota estuvo dominada por Candida spp. (>60 % de abundancia relativa), especialmente C. albicans.	La abundancia de C. albicans no se correlacionó con la puntuación de Nugent; metronidazol no produjo cambios importantes en su abundancia relativa.	Puntuación de Nugent; comparación entre mujeres sanas y con VB antes/después de metronidazol.	La secuenciación ITS2 permite caracterizar de forma más amplia la diversidad fúngica vaginal e identificar numerosas especies no evaluadas por los métodos diagnósticos rutinarios.	Se detectaron más de 30 especies fúngicas; C. albicans predominó tanto en mujeres sanas como con VB y no presentó asociación con Nugent.
Li et al. (2021)	Comparativo; 15 mujeres con T. vaginalis y 11 controles; 7 con infección única y 8 con coinfección TV/VB.	PCR de amplio rango y secuenciación V3–V4 del gen 16S rRNA mediante Illumina NovaSeq 6000.	Mycoplasma hominis, Prevotella, Streptococcus, Anaerococcus, Dialister, Peptostreptococcus, Peptoniphilus y Lactobacillus spp.	La coinfección TV/VB presentó mayor abundancia de anaerobios y menor abundancia de Lactobacillus	La coinfección TV/VB presentó mayor puntuación de Nugent (M = 7.50, SD = 0.54) que TV sola (M = 3.14, SD = 2.25), p < .001.	Microscopía directa para TV y puntuación de Nugent para VB.	Permitió caracterizar diferencias taxonómicas y de diversidad entre infección única, coinfección y controles, más allá de la clasificación	La coinfección se asoció con mayor abundancia de Anaerococcus (p = .038), Dialister (p = .006) y Prevotella (p = .013), y menor

				respecto de TV sola.			microscópica.	Lactobacillus (p = .021).
Serebrenik et al. (2021)	Prospectivo longitudinal; 38 mujeres con VB sintomática, 20 en Bronx y 18 en Thika.	Secuenciación V3–V4 del gen 16S rRNA mediante Illumina MiSeq; RNA-seq complementario.	Lactobacillus iners, Gardnerella vaginalis, Fannyhessea vaginae [antes Atopobium vaginae], Megasphaera lornae, Sneathia amnii, Prevotella spp., BVAB1 y BVAB2, entre otros.	Las respondedoras mostraron aumento de L. iners y reducción de múltiples bacterias asociadas con VB; los cambios fueron menores en las no respondedoras.	Respuesta clínica y microbiológica después de 7 días de metronidazol; 19/20 respondieron en Bronx frente a 10/18 en Thika, p = .007.	Criterios de Amsel, puntuación de Nugent y respuesta clínica al metronidazol.	No se evaluó superioridad diagnóstica directa; permitió caracterizar cambios taxonómicos vinculados con respuesta o fracaso terapéutico.	En respondedoras, L. iners aumentó 62% (p < .001), mientras G. vaginalis disminuyó 18% (p < .001) y F. vaginae 8.6% (p < .001); la respuesta al tratamiento estuvo acompañada de cambios amplios en la microbiota.
Severgnini et al. (2021)	Longitudinal; 72 mujeres embarazadas, 228 muestras obtenidas durante embarazo y puerperio.	PCR endpoint para ermB, ermF, tet(W) y tet(M); secuenciación V3–V4 del gen 16S rRNA.	Lactobacillus spp., Prevotella, Gardnerella, Fannyhessea/Atopobium, Sneathia y Megasphaera.	La microbiota disbiótica mostró reducción de lactobacilos y aumento de géneros relacionados con VB.	Los genes de resistencia, excepto tet(W), se asociaron significativamente con disbiosis/VB; Megasphaera >1% se relacionó con mayor positividad para los genes estudiados.	Puntuación de Nugent	Permitió identificar simultáneamente composición taxonómica y determinantes genéticos de resistencia que no pueden establecerse mediante la evaluación morfológica.	De 228 muestras, 35 (15.3%) presentaron VB; tet(M) se detectó en 76.7% y ermB en 55.2%. La presencia de genes de resistencia aumentó conforme la microbiota pasó de normal a disbiótica.
Whitney et al. (2021)	Prospectivo longitudinal; N = 54 mujeres posparto, 33 usuarias de DMPA-IM y 21 de anticoncepción	PCR de amplio rango del gen 16S rRNA y secuenciación de alto rendimiento.	Lactobacillus iners, Gardnerella vaginalis, Fannyhessea vaginae [antes Atopobium vaginae], Prevotella spp., Porphyromonas spp., Mycoplasma hominis y	Se identificaron cinco tipos comunitarios; CT1 estuvo dominado por L. iners, CT2 por G. vaginalis y CT3–	La puntuación de Nugent disminuyó entre las usuarias de DMPA-IM, aunque la diversidad alfa permaneció estable.	Puntuación de Nugent.	Permitió caracterizar comunidades completas y distinguir cambios en composición, diversidad y carga bacteriana que no son	En usuarias de DMPA-IM, Nugent disminuyó 1.89 puntos, 95% CI [−3.53, −0.25], p = .02, mientras la

	no hormonal.		otros anaerobios.	CT5 presentaron comunidades progresivamente más diversas y empobrecidas en lactobacilos.			captados únicamente por Nugent.	diversidad alfa permaneció estable, p = .83. Los cambios entre grupos no fueron significativament e diferentes.
Cheng et al. (2021)	Casos y controles múltiples; N = 111 mujeres en edad reproductiva.	PCR y secuenciación V3–V4 del gen 16S rRNA mediante Illumina MiSeq.	Lactobacillus iners, L. helveticus, Gardnerella, Fannyhessea/Atopobium, Prevotella, Sneathia, Mobiluncus, Streptococcus y otros taxones.	Lactobacillus fue el género dominante, con 71.55% de abundancia relativa; L. iners y L. helveticus representaron 97.92% de los lactobacilos. Las mujeres con VB presentaron mayor diversidad que las mujeres sin infección.	La diversidad alfa fue significativamente mayor en VB que en mujeres sin infección, p = .04. También se evaluaron embarazo, ciclo menstrual y otras infecciones ginecológicas.	Nugent, criterios de Amsel, síntomas clínicos, pH y microscopía.	Permitió caracterizar diversidad y composición a nivel taxonómico y detectar modificaciones asociadas con infección y estado fisiológico.	Las mujeres sin infección presentaron menor diversidad alfa y beta. La composición de las principales especies de Lactobacillus varió según infección y condición reproductiva, aunque varias diferencias no alcanzaron significación estadística.

Nota. VB = vaginosis bacteriana; CST = tipo de estado comunitario (*community state type*); CT = tipo de comunidad (*community type*); BVAB = bacterias asociadas con vaginosis bacteriana; qPCR = reacción en cadena de la polimerasa cuantitativa; PCR = reacción en cadena de la polimerasa; NGS = secuenciación de nueva generación; HPV = virus del papiloma humano; HR-HPV = virus del papiloma humano de alto riesgo; CIN = neoplasia intraepitelial cervical; HSV-2 = virus del herpes simple tipo 2; DMPA-IM = acetato de medroxiprogesterona de depósito intramuscular; AUC = área bajo la curva; CI = intervalo de confianza; RR = razón de tasas; FAS = conjunto de análisis completo (*full analysis set*); PP = análisis por protocolo (*per protocol*). Los nombres científicos de géneros y especies se presentan en cursiva, al igual que los símbolos estadísticos *M*, *SD*, *n*, *N* y *p*, conforme a las normas APA 7. La expresión «no evaluado directamente» indica que el estudio no realizó una comparación formal del desempeño de la técnica molecular frente al método convencional. La tabla sintetiza las técnicas moleculares utilizadas, los microorganismos y perfiles de microbiota vaginal identificados, las asociaciones clínicas descritas y las ventajas reportadas frente a los procedimientos tradicionales.

Los estudios incluidos muestran que la vaginosis bacteriana se caracteriza por una modificación de la estructura habitual de la microbiota vaginal, principalmente por la disminución del predominio de *Lactobacillus* y el incremento de comunidades bacterianas más diversas. Entre los microorganismos reportados con mayor frecuencia se encontraron *Gardnerella vaginalis*, *Fannyhessea vaginae*, *Prevotella* spp., *Megasphaera* spp., *Sneathia* spp. y *Mobiluncus* spp., además de otros anaerobios asociados con disbiosis. En contraste, especies como *Lactobacillus crispatus*, *L. gasseri*, *L. jensenii* y, en determinados contextos, *L. iners*, se relacionaron con perfiles dominados por lactobacilos y con estados vaginales considerados más favorables.

La técnica molecular empleada con mayor frecuencia fue la secuenciación del gen 16S rRNA, utilizada para establecer la composición taxonómica, diversidad y clasificación de la microbiota en tipos de estado comunitario. También se emplearon qPCR, PCR específica, secuenciación metagenómica, NGS y secuenciación de lectura larga mediante MinION. Estas herramientas permitieron identificar especies y comunidades bacterianas con mayor resolución que los procedimientos convencionales y, en el caso de la qPCR, cuantificar la abundancia absoluta de microorganismos específicos. Algunos estudios combinaron diferentes técnicas moleculares para integrar información sobre composición relativa, carga bacteriana y evolución de la microbiota después de intervenciones terapéuticas.

Los perfiles asociados con vaginosis bacteriana mostraron de forma consistente una reducción de lactobacilos y un incremento de microorganismos anaerobios, aunque las asociaciones clínicas variaron según la población y el contexto evaluado. En varios estudios, una mayor diversidad microbiana, el predominio de *Gardnerella*, *Fannyhessea*, *Prevotella* y *Megasphaera*, así como la pertenencia a CST IV, se relacionaron con puntuaciones elevadas de Nugent, mayor pH vaginal, inflamación genital, actividad sialidasa y persistencia o recurrencia de la alteración vaginal. En contraste, los perfiles dominados por determinadas especies de *Lactobacillus* se asociaron con microbiota considerada saludable o con recuperación posterior al tratamiento.

La respuesta terapéutica también estuvo acompañada de cambios en la estructura microbiana. Diversos estudios observaron reducciones de bacterias asociadas con VB después del tratamiento con metronidazol y un incremento proporcional de *Lactobacillus*. Sin embargo, estos cambios no siempre correspondieron a un aumento absoluto de lactobacilos, sino a la reducción de microorganismos anaerobios. De igual manera, algunos trabajos identificaron perfiles relacionados con fracaso terapéutico, caracterizados por persistencia de *Gardnerella*, *Fannyhessea* y *Prevotella*. Las asociaciones clínicas no fueron homogéneas en todos los estudios, ya que variables como edad, menopausia, embarazo, anticoncepción, tratamiento hormonal, coinfecciones y características reproductivas también influyeron en la composición de la microbiota vaginal.

En comparación con los métodos tradicionales, las técnicas de biología molecular ofrecieron una caracterización más detallada de la microbiota vaginal. La puntuación de Nugent, los criterios de Amsel, la tinción de Gram y el cultivo permitieron clasificar la presencia de vaginosis bacteriana, pero presentaron limitaciones para diferenciar especies concretas y describir la estructura completa de las comunidades microbianas. La secuenciación del gen 16S rRNA permitió identificar múltiples taxones simultáneamente, reconocer microorganismos difíciles o imposibles de cultivar y clasificar la microbiota en CST, proporcionando información sobre diversidad y abundancia relativa que no puede obtenerse únicamente mediante microscopía.

La qPCR aportó una ventaja complementaria al posibilitar la cuantificación absoluta de microorganismos seleccionados y el seguimiento de sus modificaciones durante el tratamiento. Esta

característica permitió demostrar que algunos cambios aparentes en la abundancia relativa podían deberse a la disminución de otras especies y no necesariamente al crecimiento del microorganismo evaluado. Por su parte, la secuenciación metagenómica y las plataformas de lectura larga ampliaron la resolución taxonómica y facilitaron la identificación de perfiles complejos. En conjunto, la evidencia indica que las técnicas moleculares no sustituyen necesariamente a los procedimientos clínicos convencionales, pero los complementan al proporcionar una descripción más precisa de la composición, diversidad y dinámica de la microbiota asociada con la vaginosis bacteriana.

En conjunto, los hallazgos evidencian que la vaginosis bacteriana representa un estado de disbiosis caracterizado por la pérdida o disminución del predominio de lactobacilos y el incremento de comunidades bacterianas anaerobias diversas. Las técnicas moleculares permitieron identificar estos cambios con mayor resolución taxonómica y establecer asociaciones entre determinados perfiles microbianos y variables clínicas, inflamatorias y terapéuticas. La secuenciación del gen 16S rRNA fue la estrategia más utilizada para caracterizar la estructura comunitaria, mientras que la qPCR destacó por su capacidad de cuantificación absoluta. Frente a métodos como Nugent y Amsel, las herramientas moleculares aportaron información adicional sobre especies específicas, diversidad microbiana y cambios longitudinales, favoreciendo una comprensión más amplia de la microbiota vaginal asociada con la vaginosis bacteriana.

4. Discusión

Los resultados de esta revisión sistemática evidenciaron que la vaginosis bacteriana constituye una alteración compleja de la microbiota vaginal, caracterizada por la disminución del predominio de *Lactobacillus* y el incremento de comunidades bacterianas anaerobias más diversas. Estos hallazgos coincidieron con Abou Chacra et al. (2022), quienes describieron la sustitución de lactobacilos por microorganismos como *Gardnerella vaginalis*, *Atopobium vaginae*, *Ureaplasma urealyticum* y *Mycoplasma hominis*. Esta concordancia refuerza la interpretación de la vaginosis bacteriana como una condición polimicrobiana, cuya caracterización requiere considerar la composición conjunta de las comunidades bacterianas y no únicamente la presencia de microorganismos específicos.

De manera concordante, Xu et al. (2022), Liao et al. (2025), Cheng et al. (2021) y Qin et al. (2025) identificaron una mayor diversidad microbiana y predominio de bacterias relacionadas con disbiosis, particularmente *Gardnerella*, *Fannyhessea*, *Prevotella*, *Megasphaera* y *Sneathia*. Aunque los estudios coincidieron en la reducción de lactobacilos, presentaron diferencias en la abundancia de los microorganismos identificados, posiblemente relacionadas con las características de las poblaciones y los procedimientos moleculares utilizados. Por tanto, los hallazgos respaldan la existencia de patrones generales de disbiosis, sin establecer una composición bacteriana uniforme para todas las mujeres con vaginosis bacteriana.

En cuanto a las técnicas empleadas, la secuenciación del gen 16S ARNr fue uno de los procedimientos moleculares más utilizados, complementado con qPCR, PCR específica, metagenómica y secuenciación de lectura larga. Savicheva (2024) destacó que estas herramientas favorecen la identificación de microorganismos difíciles de recuperar mediante cultivo, mientras que Savicheva et al. (2023) describieron una reducción de *Lactobacillus crispatus* y mayor presencia de *Gardnerella vaginalis* mediante análisis molecular multiplex. Estos resultados evidencian que la selección de la técnica determina el nivel de caracterización microbiológica obtenido y debe responder al propósito diagnóstico o investigativo.

Los hallazgos de Durski et al. (2022) y Komiya et al. (2022) respaldaron las ventajas de la secuenciación para diferenciar perfiles comunitarios e identificar microorganismos que pueden pasar inadvertidos mediante procedimientos convencionales. No obstante, las técnicas evaluadas presentaron diferencias en su resolución taxonómica, capacidad de cuantificación y condiciones de aplicación, por lo que sus resultados no deben considerarse directamente equivalentes. Esta variabilidad destaca la necesidad de seleccionar procedimientos moleculares según las características de las muestras, los microorganismos de interés y los objetivos de cada investigación.

La relación entre composición microbiana y características clínicas también mostró resultados relevantes. Li et al. (2021) identificaron mayores puntuaciones de Nugent y abundancia de anaerobios en mujeres con coinfección, mientras que Armstrong et al. (2025) relacionaron una mayor carga bacteriana con marcadores de inflamación genital. Estos resultados coincidieron con Joseph et al. (2021), quienes destacaron la importancia de las herramientas moleculares para diferenciar estados de equilibrio y disbiosis vaginal. Sin embargo, las asociaciones observadas no establecen por sí mismas relaciones causales entre los microorganismos identificados y las manifestaciones clínicas.

La interpretación de estas asociaciones requiere considerar que la composición de la microbiota vaginal puede variar según factores hormonales, fisiológicos y reproductivos. En este sentido, Mitchell et al. (2021) identificaron diferencias en la correspondencia entre la puntuación de Nugent y los perfiles microbianos de mujeres premenopáusicas y posmenopáusicas. Asimismo, Qin et al. (2025) describieron asociaciones entre la composición microbiana y diversas características individuales. Estas diferencias sugieren que los perfiles moleculares deben interpretarse dentro del contexto clínico de cada población, evitando establecer criterios diagnósticos uniformes a partir de asociaciones aisladas.

La respuesta al tratamiento constituyó otro aspecto relevante para comprender la dinámica de la microbiota vaginal. Serebrenik et al. (2021) encontraron que las mujeres que respondieron al metronidazol presentaron una disminución de bacterias asociadas con vaginosis bacteriana y un incremento proporcional de *Lactobacillus iners*. De manera concordante, Sirichoat et al. (2025) observaron un aumento de lactobacilos después del tratamiento, mientras que los casos de fracaso terapéutico conservaron mayores proporciones de *Gardnerella*, *Fannyhessea* y *Prevotella*. Estos resultados sugieren que la persistencia de determinadas comunidades anaerobias podría contribuir a explicar las diferencias en la respuesta microbiológica al tratamiento.

No obstante, Armstrong et al. (2022) demostraron que el incremento relativo de lactobacilos después del tratamiento podía explicarse principalmente por una reducción absoluta de bacterias relacionadas con vaginosis bacteriana, sin representar necesariamente un aumento real de *L. crispatus* o *L. iners*. Esta diferencia resulta relevante porque demuestra que los cambios en la abundancia relativa no siempre reflejan modificaciones equivalentes en la concentración bacteriana. En consecuencia, la combinación de secuenciación y qPCR puede proporcionar una interpretación más completa de la respuesta terapéutica y evitar conclusiones basadas exclusivamente en proporciones microbianas.

Respecto a la comparación con los métodos convencionales, Durski et al. (2022) identificaron una elevada concordancia entre la puntuación de Nugent y la clasificación molecular de vaginosis bacteriana, aunque la secuenciación proporcionó mayor resolución taxonómica. Por su parte, Mitchell et al. (2021) evidenciaron que una puntuación elevada de Nugent no representó necesariamente perfiles microbianos equivalentes en mujeres premenopáusicas y posmenopáusicas. Estas diferencias indican que la interpretación de los métodos tradicionales puede estar condicionada por las características fisiológicas de las participantes, mientras que las técnicas moleculares permiten examinar con mayor detalle la composición bacteriana subyacente.

En concordancia con Savicheva et al. (2023) y Abou Chacra et al. (2022), los hallazgos respaldaron el valor complementario de las técnicas moleculares frente a los criterios de Amsel, Nugent y la tinción de Gram. Sin embargo, una mayor capacidad para identificar especies y describir comunidades microbianas no implica necesariamente una superioridad diagnóstica en términos de sensibilidad, especificidad o exactitud clínica. Por ello, la incorporación de procedimientos moleculares debe considerar su rendimiento diagnóstico, disponibilidad, costos y utilidad para la toma de decisiones clínicas, aspectos que no fueron evaluados de manera uniforme en los estudios incluidos.

Entre las principales limitaciones de esta revisión se identificó la heterogeneidad de los diseños metodológicos, las poblaciones estudiadas, las técnicas moleculares y los criterios utilizados para clasificar la disbiosis vaginal. Aunque los 24 estudios incluidos presentaron riesgo de sesgo bajo o moderado según las evaluaciones realizadas, esta condición no eliminó las diferencias metodológicas entre investigaciones. Además, la diversidad de procedimientos y resultados disponibles limitó la posibilidad de establecer comparaciones directas sobre el desempeño de las técnicas moleculares y formular conclusiones generalizables a todas las poblaciones.

En conjunto, la evidencia indicó que las técnicas de biología molecular ampliaron la caracterización de la microbiota vaginal asociada con la vaginosis bacteriana y facilitaron la identificación de perfiles relacionados con determinadas características clínicas y respuestas terapéuticas. Sin embargo, su utilidad debe interpretarse considerando las diferencias metodológicas y la disponibilidad de evidencia comparativa. Por ello, futuras investigaciones deberían estandarizar los criterios de caracterización microbiológica e integrar secuenciación, qPCR y métodos convencionales, con el propósito de validar perfiles microbianos reproducibles y determinar su utilidad diagnóstica, pronóstica y terapéutica en diferentes poblaciones de mujeres adultas.

5. Conclusiones

La microbiota vaginal asociada con la vaginosis bacteriana se caracterizó por una disminución del predominio de especies de *Lactobacillus* y un incremento de microorganismos anaerobios como *Gardnerella vaginalis*, *Fannyhessea vaginae*, *Prevotella* spp., *Megasphaera* spp., *Sneathia* spp. y *Mobiluncus* spp. Para su caracterización, destacó la secuenciación del gen 16S ARNr, junto con la qPCR, la PCR específica, la metagenómica y la secuenciación de lectura larga, técnicas que permitieron identificar perfiles microbianos diversos y reconocer patrones de disbiosis asociados con esta condición.

Los perfiles de microbiota determinados mediante técnicas moleculares mostraron asociaciones variables con las características clínicas de la vaginosis bacteriana, según la población y los métodos utilizados. Los estados de disbiosis, particularmente los correspondientes a CST IV, se relacionaron con puntuaciones elevadas de Nugent, mayor pH vaginal, actividad sialidasa, inflamación genital y diferencias en la respuesta terapéutica. No obstante, estas asociaciones no demostraron relaciones causales ni permitieron establecer un perfil microbiano único capaz de predecir las manifestaciones clínicas o la evolución de la enfermedad.

Las técnicas de biología molecular ofrecieron ventajas frente a los métodos tradicionales al ampliar la resolución taxonómica, identificar microorganismos difíciles de cultivar y caracterizar comunidades bacterianas complejas, mientras que la qPCR permitió cuantificar microorganismos específicos. Sin embargo, la evidencia disponible no demostró una superioridad diagnóstica generalizada que justificara sustituir los criterios de Amsel, Nugent, la tinción de Gram o el cultivo. Por tanto, su principal contribución radicó en complementar los procedimientos convencionales, aunque su aplicación clínica requiere mayor estandarización y validación diagnóstica.

Referencias

Abou Chacra, L., Fenollar, F., & Diop, K. (2022). Bacterial vaginosis: what do we currently know? *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, *11*, 672429. https://doi.org/10.3389/fcimb.2021.672429

Ardizzone, C., Taylor, C., Toh, E., Lillis, R., Elnaggar, J., Lammons, J., Mott, P., Duffy, E., Shen, L., & Quayle, A. (2023). Association of *Chlamydia trachomatis* burden with the vaginal microbiota, bacterial vaginosis, and metronidazole treatment. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology, 13*, 1289449. https://doi.org/10.3389/fcimb.2023.1289449

Armstrong, E., Hemmerling, A., Miller, S., Burke, K., Newmann, S., Morris, S., Reno, H., Huibner, S., Kulikova, M., Liu, R., Crawford, E., Castañeda, G., Nagelkerke, N., Coburn, B., Cohen, C., & Kaul, R. (2022). Metronidazole treatment rapidly reduces genital inflammation through effects on bacterial vaginosis–associated bacteria rather than lactobacilli. *The Journal of Clinical Investigation*, *132*(6), e152930. https://doi.org/10.1172/JCI152930

Armstrong, E., Hemmerling, A., Miller, S., Burke, K., Newmann, S., Morris, S., Reno, H., Huibner, S., Kulikova, M., Nagelkerke, N., Coburn, B., Cohen, C., & Kaul, R. (2022). Sustained effect of LACTIN-V (*Lactobacillus crispatus* CTV-05) on genital immunology following standard bacterial vaginosis treatment: Results from a randomised, placebo-controlled trial. *The Lancet Microbe, 3*(6), e435–e442. https://doi.org/10.1016/S2666-5247(22)00043-X

Armstrong, E., Liu, R., Pollock, J., Huibner, S., Udayakumar, S., Irungu, E., Ngurukiri, P., Muthoga, P., Adhiambo, W., Yegorov, S., Kimani, J., Beattie, T., Coburn, B., & Kaul, R. (2025). Quantitative profiling of the vaginal microbiota improves resolution of the microbiota-immune axis. *Microbiome, 13*, 39. https://doi.org/10.1186/s40168-025-02039-4

Babu, T., Srinivasan, S., Magaret, A., Proll, S., Stankiewicz Karita, H., Wallis, J. M., Selke, S., Varon, D., Pholsena, T., Fredricks, D., Marrazzo, J., Wald, A., & Johnston, C. (2023). Genital herpes simplex virus type 2 suppression with valacyclovir is not associated with changes in Nugent score or absolute abundance of key vaginal bacteria. *Open Forum Infectious Diseases, 10*(3), ofad099. https://doi.org/10.1093/ofid/ofad099

Basulto, G., Jardinot, L., & Hechavarría, R. (2024). Una mirada a la contextualización en la enseñanza de la disciplina Biología Molecular y Celular. *Didasc@ lia: Didáctica y Educación*, *15*(2), 49-65. https://dialnet.unirioja.es/servlet/articulo?codigo=9632810

Cheng, L., Gao, Y., Xia, Q., Wang, H., Xie, X., Liu, Y., Shang, H., & Diao, Y. (2021). Reproductive tract microbiota of women in childbearing age shifts upon gynecological infections and menstrual cycle. *BMC Microbiology, 21*, 252. https://doi.org/10.1186/s12866-021-02300-4

Cho, H., Kim, M., Choe, Y., Son, S., Kang, C., Lim, S., Kim, S., Choi, H., Jung, U., & Kang, J. (2025). Efficacy and safety of a plasma vaginal cleanser (WOMEN CARE®) using plasma-activated water in suspected vaginitis: A multicenter randomized clinical trial. *Biomedicines, 13*(12), 3076. https://doi.org/10.3390/biomedicines13123076

Condori-Catachura, S., Ahannach, S., Ticlla, M., Kenfack, J., Livo, E., Anukam, K., Pinedo-Cancino, V., Collado, M., Dominguez-Bello, M., Miller, C., Vinderola, G., Merten, S., Donders, G., Gehrmann, T., Isala Sisterhood Consortium, & Lebeer, S. (2025). Diversity in women and their vaginal microbiota. *Trends in Microbiology, 33*(11), 1163–1172. https://doi.org/10.1016/j.tim.2024.12.012

Dong, W., Wang, S., Wang, X., Xu, G., Liu, Q., Li, Z., ... Zhu, B. (2024). Characteristics of vaginal microbiota of women of reproductive age with infections. *Microorganisms*, *12*(5), 1030. https://doi.org/10.3390/microorganisms12051030

Durski, M., Ravel, J., Spautz, A., Carvalho, N., Silva, M., & Marconi, C. (2022). Comparison of two microscopic interpretations of vaginal microbiota with molecular profiling. *Diagnostic Microbiology and Infectious Disease, 104*, 115728. https://doi.org/10.1016/j.diagmicrobio.2022.115728

Federico, L., & Navarro, C. (2022). La cristalización de la biología molecular: Cuando la estructura y la función convergen en un paradigma. *Cuadernos Filosóficos/Segunda Época*, (19). https://doi.org/10.35305/cf2.vi19.180

Ferreira, C., Marconi, C., Parada, C., Ravel, J., & Silva, M. (2022). Sialidase activity in the cervicovaginal fluid is associated with changes in bacterial components of *Lactobacillus*-deprived microbiota. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology, 11*, 813520. https://doi.org/10.3389/fcimb.2021.813520

Filardo, S., Di Pietro, M., Mastromarino, P., Porpora, M., & Sessa, R. (2024). A multi-strain oral probiotic improves the balance of the vaginal microbiota in women with asymptomatic bacterial vaginosis: Preliminary evidence. *Nutrients, 16*(20), 3469. https://doi.org/10.3390/nu16203469

Hidalgo, A. (2012). La biología molecular: ¿Revolución o cierre? *Eikasía Revista de Filosofía*, (42), 193–212. https://doi.org/10.57027/eikasia.42.489

Joseph, R., Ser, H., Kuai, Y., Tan, L., Thirunavuk, V., Letchumanan, V., ... Lee, L. (2021). Finding a balance in the vaginal microbiome: how do we treat and prevent the occurrence of bacterial vaginosis? *Antibiotics*, *10*(6), 719. https://doi.org/10.3390/antibiotics10060719

Komiya, S., Matsuo, Y., Nakagawa, S., Morimoto, Y., Kryukov, K., Okada, H., & Hirota, K. (2022). MinION, a portable long-read sequencer, enables rapid vaginal microbiota analysis in a clinical setting. *BMC Medical Genomics, 15*, 68. https://doi.org/10.1186/s12920-022-01218-8

Lehtoranta, L., Ala-Jaakkola, R., Laitila, A., & Maukonen, J. (2022). Healthy vaginal microbiota and influence of probiotics across the female life span. *Frontiers in Microbiology*, *13*, 819958. https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.819958

Lehtoranta, L., Hibberd, A., Yeung, N., Laitila, A., Maukonen, J., & Ouwehand, A. (2021). Characterization of vaginal fungal communities in healthy women and women with bacterial vaginosis (BV); A pilot study. *Microbial Pathogenesis, 161*, 105055. https://doi.org/10.1016/j.micpath.2021.105055

Liao, B., Chi, X., Chen, J., Liu, W., Wu, Y., Tang, T., Wang, X., Ge, S., & Kong, X. (2025). Characterization of the vaginal microbiota in women of childbearing age with different Nugent scores. *Microbial Pathogenesis, 203*, 107480. https://doi.org/10.1016/j.micpath.2025.107480

Li, T., Liu, Z., Zhang, Z., Bai, H., Zong, X., Wang, F., & Fan, L. (2021). Comparative analysis of the vaginal microbiome of Chinese women with *Trichomonas vaginalis* and mixed infection. *Microbial Pathogenesis, 154*, 104790. https://doi.org/10.1016/j.micpath.2021.104790

Mitchell, C., Srinivasan, S., Ma, N., Reed, S., Wu, M., Hoffman, N., Valint, D., Proll, S., Fiedler, T., Agnew, K., Guthrie, K., & Fredricks, D. (2021). Bacterial communities associated with abnormal Nugent score in postmenopausal versus premenopausal women. *The Journal of Infectious Diseases*, *223*(12), 2048–2052. https://doi.org/10.1093/infdis/jiaa675

Morelli, I., & Gamboa, S. (2022). Vaginosis bacteriana en el embarazo: últimos avances hasta la fecha. *Revista Médica Sinergia*, *7*(7). https://doi.org/10.31434/rms.v7i7.838

Occhipinti, S., Incognito, G., & Palumbo, M. (2025). The influence of the vaginal ecosystem on vaginitis, bacterial vaginosis, and sexually transmitted diseases: an epidemiological study and literature review. *Archives of Gynecology and Obstetrics*, *311*(2), 347-353. https://doi.org/10.1007/s00404-024-07626-8

Pacha-Herrera, D., Erazo-Garcia, M., Cueva, D., Orellana, M., Borja-Serrano, P., Arboleda, C., Tejera, E., & Machado, A. (2022). Clustering analysis of the multi-microbial consortium by *Lactobacillus* species against vaginal dysbiosis among Ecuadorian women. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, *12*, 863208. https://doi.org/10.3389/fcimb.2022.863208

Page, M., McKenzie, J., Bossuyt, P., Boutron, I., Hoffmann, T., Mulrow, C., Shamseer, L., Tetzlaff, J., Akl, E., Brennan, S., Chou, R., Glanville, J., Grimshaw, J., Hróbjartsson, A., Lalu, M., Li, T., Loder, E., Mayo-Wilson, E., McDonald, S., … Moher, D. (2021). The PRISMA 2020 statement: An updated guideline for reporting systematic reviews. *BMJ*, *372*, n71. https://doi.org/10.1136/bmj.n71

Qin, L., Sun, T., Li, X., Zhao, S., Liu, Z., Zhang, C., Jin, C., Xu, Y., Gao, X., Cao, Y., Wang, J., Han, T., Yan, L., Song, J., Zhang, F., Liu, F., Zhang, Y., Huang, Y., Song, Y., . . . Chen, Z.-J. (2025). Population-level analyses identify host and environmental variables influencing the vaginal microbiome. *Signal Transduction and Targeted Therapy*, *10*, 64. https://doi.org/10.1038/s41392-025-02152-8

Salas, J., Angulo, L., & Garita, E. (2022). Vaginosis Bacteriana – Actualización y novedad terapéutica. *Revista Ciencia y Salud Integrando Conocimientos*, *5*(6), 85–93. https://doi.org/10.34192/cienciaysalud.v5i6.387

Savicheva, A. (2024). Molecular testing for the diagnosis of bacterial vaginosis. *International Journal of Molecular Sciences*, *25*(1), 449. https://doi.org/10.3390/ijms25010449

Savicheva, A., Krysanova, A., Budilovskaya, O., Spasibova, E., Khusnutdinova, T., Shalepo, K. V., ... Kogan, I. (2023). Vaginal microbiota molecular profiling in women with bacterial vaginosis: a novel diagnostic tool. *International Journal of Molecular Sciences*, *24*(21), 15880. https://doi.org/10.3390/ijms242115880

Schuster, H., Bos, A., Himschoot, L., van Eekelen, R., Matamoros, S., de Boer, M., Oudijk, M., Ris-Stalpers, C., Cools, P., Savelkoul, P., Painter, R., & van Houdt, R. (2024). Vaginal microbiota and spontaneous preterm birth in pregnant women at high risk of recurrence. *Heliyon*, *10*, e30685. https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2024.e30685

Serebrenik, J., Wang, T., Hunte, R., Srinivasan, S., McWalters, J., Tharp, G. K., Bosinger, S. E., Fiedler, T. L., Atrio, J. M., Murphy, K., Barnett, R., Ray, L. R., Krows, M. L., Fredricks, D. N., Irungu, E., Ngure, K., Mugo, N., Marrazzo, J., Keller, M. J., & Herold, B. C. (2021). Differences in vaginal microbiota, host transcriptome, and proteins in women with bacterial vaginosis are associated with metronidazole treatment response. *The Journal of Infectious Diseases*, *224*(12), 2094–2104. https://doi.org/10.1093/infdis/jiab266

Severgnini, M., Camboni, T., Ceccarani, C., Morselli, S., Cantiani, A., Zagonari, S., Patuelli, G., Pedna, M. F., Sambri, V., Foschi, C., Consolandi, C., & Marangoni, A. (2021). Distribution of *ermB*, *ermF*, *tet(W)*, and *tet(M)* resistance genes in the vaginal ecosystem of women during pregnancy and puerperium. *Pathogens*, *10*(12), 1546. https://doi.org/10.3390/pathogens10121546

Sirichoat, A., Buppasiri, P., Faksri, K., & Lulitanond, V. (2025). Dynamics and diversity of vaginal microbiota in bacterial vaginosis among Thai patients treated with metronidazole. *Journal of Infection and Public Health, 18*, 102646. https://doi.org/10.1016/j.jiph.2024.102646

Valint, D., Fiedler, T., Liu, C., Srinivasan, S., & Fredricks, D. (2024). Effect of metronidazole on concentrations of vaginal bacteria associated with risk of HIV acquisition. *mBio, 15*(12), e01110-24. https://doi.org/10.1128/mbio.01110-24

Whitney, B., Srinivasan, S., Tapia, K., Muriuki, E., Chohan, B. H., Wallis, J. M., Liu, C., Guthrie, B. L., McClelland, R. S., Hoffman, N. G., Fredricks, D. N., & Roxby, A. C. (2021). Influence of intramuscular depot medroxyprogesterone acetate initiation on vaginal microbiota in the postpartum period. *Clinical Infectious Diseases, 72*(12), e1093–e1102. https://doi.org/10.1093/cid/ciaa1876

Xu, X., Zhang, Y., Yu, L., Shi, X., Min, M., Xiong, L., Pan, J., Liu, P., Wu, G., & Gao, G. (2022). A cross-sectional analysis about bacterial vaginosis, high-risk human papillomavirus infection, and cervical intraepithelial neoplasia in Chinese women. *Scientific Reports, 12*, 6609. https://doi.org/10.1038/s41598-022-10532-1

Zavala, A., & Murillo, A. (2023). Microbiota vaginal: composición, factores alteradores y diagnóstico. *Revista Científica Arbitrada Multidisciplinaria PENTACIENCIAS*, *5*(3), 99-111. https://doi.org/10.59169/pentaciencias.v5i3.523

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

Lorena Nataly Silva Yanza: Conceptualización, metodología, software, investigación, gestión de datos, redacción - preparación del borrador original, redacción - revisión y edición, financiamiento, administración del proyecto, recursos.

Carlos Iván Peñafiel-Méndez: Conceptualización, metodología, validación, análisis formal, investigación, visualización, redacción - preparación del borrador original, redacción - revisión y edición, administración del proyecto, supervisión.

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