Ciencia y Educación
(L-ISSN: 2790-8402 E-ISSN: 2707-3378)
Vol. 7 No. 12.1
Edición Especial XII 2026

INTERACCIONES MICROBIANAS DE ATOPOBIUM VAGINAE CON OTROS PATÓGENOS EN LA FORMACIÓN DE BIOFILMS POLIMICROBIANOS ASOCIADOS A VAGINOSIS BACTERIANA

MICROBIAL INTERACTIONS OF ATOPOBIUM VAGINAE WITH OTHER PATHOGENS IN THE FORMATION OF POLYMICROBIAL BIOFILMS ASSOCIATED WITH BACTERIAL VAGINOSIS

Autores: [1]Carlos Iván Peñafiel Méndez y [2]Ana Carolina González Romero.
[1]ORCID ID: https://orcid.org/0000-0002-4152-7154
[2]ORCID ID: https://orcid.org/0000-0002-8235-4886
[1]E-mail de contacto: cpenafiel@unach.edu.ec
[2]E-mail de contacto: ana.gonzalez@unach.edu.ec
Afiliación: [1*2*]Universidad Nacional de Chimborazo, (Ecuador)
Artículo recibido: 15 de Octubre del 2026.
Artículo revisado: 21 de Noviembre del 2026.
Artículo aprobado: 21 de Noviembre del 2026.
[1]Licenciado en Ciencias de la Salud en Laboratorio Clínico e Histopatológico, graduado de la Universidad Nacional de Chimborazo, (Ecuador). Magíster en Ciencias de la Educación mención Biología, graduado de la Universidad Nacional de Chimborazo, (Ecuador). Maestrante de la Maestría en Diagnóstico de Laboratorio Clínico y Molecular con mención en Bioquímica Clínica de la Universidad Nacional de Chimborazo, (Ecuador).
[2]Licenciada en Bioanálisis, graduada de la Universidad de los Andes, (Venezuela). Magíster Scientiae Microbiología Clínica, graduada de la Universidad de los Andes, (Venezuela). Doctora en Ciencias Médicas Fundamentales, graduada de la Universidad de los Andes, (Venezuela). Docente de la Carrera de Laboratorio Clínico de la Universidad Nacional de Chimborazo, (Ecuador).

Resumen

La vaginosis bacteriana es una disbiosis polimicrobiana compleja dominada por biofilms adheridos al epitelio vaginal. Esta revisión sistemática tuvo como objetivo destacar la evidencia científica disponible sobre las interacciones microbianas de Atopobium vaginae con otros patógenos vaginales en la formación de biofilms polimicrobianos asociados a la vaginosis bacteriana, para la comprensión de los mecanismos de patogenicidad y posibles enfoques terapéuticos. La metodología se ajusta a las directrices PRISMA, analizando un corpus definitivo de quince estudios clínicos originales en pacientes (2021–2026), evaluados con las listas críticas del Joanna Briggs Institute (JBI) y el enfoque GRADE. Los hallazgos demuestran que las pruebas moleculares (qPCR, FISH, PNA-FISH y ddPCR) alcanzan una alta exactitud diagnóstica, con sensibilidades de hasta el 98.2% frente a los estándares de referencia. Clínicamente, se evidencia que Atopobium vaginae cohabita de forma estricta con Gardnerella vaginalis para estructurar biofilms polimicrobianos activos adheridos al epitelio vaginal. Esta organización comunitaria altera el microambiente, genera tolerancia cruzada frente a tratamientos de primera línea y explica las altas tasas de recurrencia clínica. En conclusión, el diagnóstico molecular temprano se establece como un recurso clínico indispensable para superar las limitaciones de la terapéutica empírica y orientar un manejo médico personalizado y eficaz.

Palabras clave: Vaginosis bacteriana, Atopobium vaginae, Biofilms polimicrobianos, Diagnóstico molecular, Resistencia microbiana.

Abstract

Bacterial vaginosis is a complex polymicrobial dysbiosis dominated by biofilms adhering to the vaginal epithelium. This systematic review aimed to highlight the available scientific evidence regarding the microbial interactions of *Atopobium vaginae* with other vaginal pathogens in the formation of polymicrobial biofilms associated with bacterial vaginosis, with the goal of understanding pathogenicity mechanisms and potential therapeutic approaches. The methodology adheres to PRISMA guidelines, analyzing a final corpus of fifteen original clinical studies involving patients (2021–2026), which were evaluated

using the Joanna Briggs Institute (JBI) critical appraisal checklists and the GRADE approach. The findings demonstrate that molecular tests (qPCR, FISH, PNA-FISH, and ddPCR) achieve high diagnostic accuracy, with sensitivities of up to 98.2% when compared to reference standards. From a clinical perspective, it is evident that *Atopobium vaginae* consistently coexists with *Gardnerella vaginalis* to form active polymicrobial biofilms that adhere to the vaginal epithelium. This community organization alters the microenvironment, confers cross-tolerance to first-line treatments, and accounts for high rates of clinical recurrence. In conclusion, early molecular diagnosis serves as an essential clinical tool for overcoming the limitations of empirical therapy and guiding personalized, effective medical management.
Keywords: Bacterial vaginosis, *Atopobium vaginae*, Polymicrobial biofilms, Molecular diagnosis, Microbial resistance.

Sumário

A vaginose bacteriana é uma disbiose polimicrobiana complexa, dominada por biofilmes aderidos ao epitélio vaginal. Esta revisão sistemática teve como objetivo destacar as evidências científicas disponíveis sobre as interações microbianas de *Atopobium vaginae* com outros patógenos vaginais na formação de biofilmes polimicrobianos associados à vaginose bacteriana, visando a compreensão dos mecanismos de patogenicidade e de possíveis abordagens terapêuticas. A metodologia segue as diretrizes PRISMA, analisando um corpus definitivo de quinze estudos clínicos originais em pacientes (2021–2026), avaliados por meio das listas de avaliação crítica do Joanna Briggs Institute (JBI) e da abordagem GRADE. Os resultados demonstram que os testes moleculares (qPCR, FISH, PNA-FISH e ddPCR) apresentam elevada acurácia diagnóstica, com sensibilidades de até 98,2% em comparação aos padrões de referência. Clinicamente, evidencia-se que *Atopobium vaginae* coabita de forma estrita com *Gardnerella vaginalis*, estruturando biofilmes polimicrobianos ativos aderidos ao epitélio vaginal. Essa organização comunitária altera o microambiente, gera tolerância cruzada a tratamentos de primeira linha e explica as altas taxas de recorrência clínica. Em conclusão, o diagnóstico molecular precoce estabelece-se como um recurso clínico indispensável para superar as limitações da terapêutica empírica e orientar uma conduta médica personalizada e eficaz.
Palavras-chave: Vaginose bacteriana, *Atopobium vaginae*, Biofilmes polimicrobianos, Diagnóstico molecular, Resistência microbiana.

Introducción

La vaginosis bacteriana (VB) constituye una de las alteraciones más frecuentes del microbiota vaginal en mujeres en edad reproductiva, caracterizada por la disminución de especies protectoras del género *Lactobacillus* y la proliferación masiva de bacterias anaerobias facultativas y estrictas (Chen et al., 2021). Desde el punto de vista de las teorías fundantes del diagnóstico clínico, la patología se ha abordado históricamente mediante los criterios de Amsel y la coloración de Gram o escala de Nugent; no obstante, estas herramientas tradicionales presentan limitaciones significativas de subjetividad y una baja sensibilidad para identificar microorganismos de difícil cultivo o no cultivables (Valeriano et al., 2024).

En este contexto, los avances tecnológicos en metagenómica y biología molecular han transformado radicalmente el entendimiento del problema de investigación, demostrando que la VB no es el resultado de la acción de un patógeno aislado, sino de una comunidad microbiana altamente organizada en biopelículas o biofilms polimicrobianas adheridas al epitelio vaginal (Sadeghpour, 2024). Dentro de este consorcio, especies como *Atopobium vaginae* (*Fannyhessea vaginae*) adquieren un protagonismo crítico debido a su

estrecha co-localización con *Gardnerella vaginalis* y su alta especificidad como marcadores de disbiosis profunda (Núñez-Troconis, 2026). La relevancia y justificación de profundizar en este tema radican en que la naturaleza de anaerobio estricto de *Atopobium vaginae* impide su detección mediante los cultivos microbiológicos convencionales. Ante esta barrera clínica, el desarrollo de pruebas moleculares avanzadas como la reacción en cadena de la polimerasa en tiempo real (qPCR), la hibridación fluorescente in situ (FISH) y los ensayos con sondas de ácidos nucleicos peptídicos (PNA-FISH) representa una alternativa de alta precisión diagnóstica. Estas herramientas permiten identificar cargas microbianas específicas, coinfecciones complejas y predecir el riesgo de fracaso terapéutico frente a esquemas convencionales como el metronidazol (Borrego y Borrego, 2025).

A pesar de los beneficios teóricos y metodológicos de estas tecnologías, la literatura científica actual muestra vacíos en cuanto a la estandarización de su utilidad clínica en la práctica rutinaria de los laboratorios. Por consiguiente, en estricta concordancia con los lineamientos metodológicos expuestos, el presente estudio plantea como objetivo general destacar la evidencia científica disponible sobre las interacciones microbianas de *Atopobium vaginae* con otros patógenos vaginales en la formación de biofilms polimicrobianos asociados a la vaginosis bacteriana, mediante una revisión sistemática, para la comprensión de los mecanismos de patogenicidad y posibles enfoques terapéuticos.

Materiales y Métodos

La presente investigación se enmarca en un enfoque metodológico de carácter cualitativo y documental, estructurado formalmente como una revisión sistemática de la literatura científica. Con el propósito de destacar la evidencia científica disponible sobre las interacciones microbianas de *Atopobium vaginae* con otros patógenos vaginales en la formación de biofilms polimicrobianos asociados a la vaginosis bacteriana, mediante una revisión sistemática, para la comprensión de los mecanismos de patogenicidad y posibles enfoques terapéutico.

Cabe señalar que el protocolo no cuenta con registro prospectivo en PROSPERO, dado que la fase de extracción de datos ya había iniciado al momento de considerar dicha inscripción, sin embargo, con el propósito de garantizar la máxima transparencia, reproducibilidad y rigor en la síntesis de la evidencia, el diseño metodológico se fundamenta de manera estricta en las directrices internacionales establecidas por la declaración PRISMA. Para estructurar de forma precisa la estrategia de búsqueda y los criterios de selección de esta revisión sistemática, se formuló la pregunta de investigación bajo el modelo PEO (Población, Exposición, Outcomes o Resultados):

Tabla 1. *Modelo PEO.*

Elemento del modelo	Descripción
P (Población)	Mujeres con diagnóstico o sospecha clínica de vaginosis bacteriana.
E (Exposición)	Utilización de pruebas moleculares empleadas para la detección de microorganismos asociados a vaginosis bacteriana como qPCR, FISH, PNA-FISH, NAAT y secuenciación.
O (Outcomes / Resultados)	Utilidad diagnóstica, identificación y frecuencia de *Atopobium vaginae* y otros microorganismos asociados a vaginosis bacteriana, y/o rendimiento de las técnicas moleculares.

Fuente: Elaboración propia.

De este modo, la interrogante que guía el estudio se define de la siguiente manera: ¿Cuál es la utilidad de las pruebas moleculares para la detección de *Atopobium vaginae* y otros microorganismos asociados a vaginosis bacteriana en mujeres con diagnóstico o

sospecha de esta condición? Se realizó una búsqueda bibliográfica en las bases de datos PubMed/MEDLINE, Scopus, Web of Science y SciELO, con el objetivo de identificar estudios relacionados con *Atopobium vaginae* (actualmente denominado *Fannyhessea vaginae*), su interacción con otros microorganismos vaginales y su participación en la formación de biopelículas asociadas con la vaginosis bacteriana. La búsqueda abarcó el periodo comprendido entre 2021 y 2026 y se limitó a publicaciones en español e inglés. La última búsqueda se efectuó el 30 de octubre de 2026.

La estrategia combinó términos libres y descriptores controlados cuando estuvieron disponibles, mediante los operadores booleanos AND y OR. La fórmula empleada fue: ("*Atopobium vaginae*" OR "*Fannyhessea vaginae*") AND ("bacterial vaginosis" OR "vaginal microbiome") AND ("molecular diagnostic tests" OR "qPCR" OR "FISH" OR "polymicrobial biofilms"). Esta estrategia se adaptó a la sintaxis y los campos de búsqueda de cada base de datos. En PubMed/MEDLINE se consultaron los campos de título/resumen y términos MeSH; en Scopus, los campos de título, resumen y palabras clave; en Web of Science, el tópico general (TS); y en SciELO, los campos de resumen y materias. Se aplicaron los filtros de fecha e idioma correspondientes, cuando estuvieron disponibles.

Los resultados recuperados se exportaron en formato de referencias bibliográficas y se organizaron en el gestor bibliográfico Mendeley. Se identificaron inicialmente 27 registros. Como estrategia complementaria, se revisaron las listas de referencias de los estudios incluidos para descartar la omisión de literatura relevante, sin que se requiriera la adición de registros adicionales al corpus principal. El proceso de selección se realizó aplicando criterios de inclusión y exclusión previamente establecidos, con el propósito de garantizar la transparencia y reproducibilidad de la búsqueda. Tras la depuración y evaluación de los textos completos, se excluyeron 12 artículos por no cumplir los criterios de elegibilidad, por lo que se incluyeron finalmente 15 estudios en la síntesis cualitativa. Las razones específicas de exclusión y las cantidades correspondientes a cada etapa se detallan en el diagrama de flujo PRISMA.

Se incluyeron artículos originales de investigación clínica, microbiológica o experimental publicados en los últimos cinco años y redactados en inglés o español. Se seleccionaron los estudios que analizaron explícitamente la interacción de *Atopobium vaginae* (también denominada *Fannyhessea vaginae*) con *Gardnerella vaginalis* u otros anaerobios vaginales en biopelículas. Se excluyeron los artículos de revisión y de opinión, las cartas al editor, los editoriales y las ponencias sin revisión por pares. También se descartaron los estudios centrados exclusivamente en disbiosis urinarias o gastrointestinales que no abordaron su relación con el ecosistema vaginal.

Por último, se excluyeron las investigaciones que presentaron datos duplicados o deficiencias metodológicas que impidieron la extracción de resultados fiables. Tras la aplicación sistemática y rigurosa de los criterios de selección, se excluyeron 12 artículos que no cumplían con los estándares de profundidad molecular o enfoque clínico requeridos, culminando con una selección definitiva de 15 artículos científicos altamente relevantes que conformaron el corpus documental final para el análisis cualitativo y la discusión de esta revisión. La información extraída de estos documentos fue procesada

mediante fichas de síntesis temática, categorizando los hallazgos en función de los mecanismos de virulencia sinérgica, la estructura del biofilm y las implicaciones terapéuticas actuales.

Para determinar la validez interna y el grado de sesgo del corpus final, se aplicaron las listas de verificación del JBI. Tras esta evaluación crítica, se determinó que la calidad metodológica general es alta, mostrando un bajo riesgo de sesgo y una sólida consistencia en los hallazgos. Asimismo, para valorar la certeza global de la evidencia y la solidez de las recomendaciones, se empleó el enfoque metodológico GRADE. Este análisis catalogó la certeza y calidad de la evidencia como altas, respaldando firmemente las conclusiones derivadas sobre la utilidad diagnóstica.

Resultados y Discusión

La ejecución de la estrategia de búsqueda bibliográfica exhaustiva permitió identificar 27 registros en las bases de datos científicas seleccionadas. Tras la eliminación de duplicados y la aplicación estricta de los criterios de selección, excluyendo estudios in vitro y artículos de revisión para priorizar exclusivamente investigaciones clínicas originales con pacientes, se consolidó un corpus definitivo de 15 artículos analizados, tal como lo muestra la figura 1 del Diagrama PRISMA.

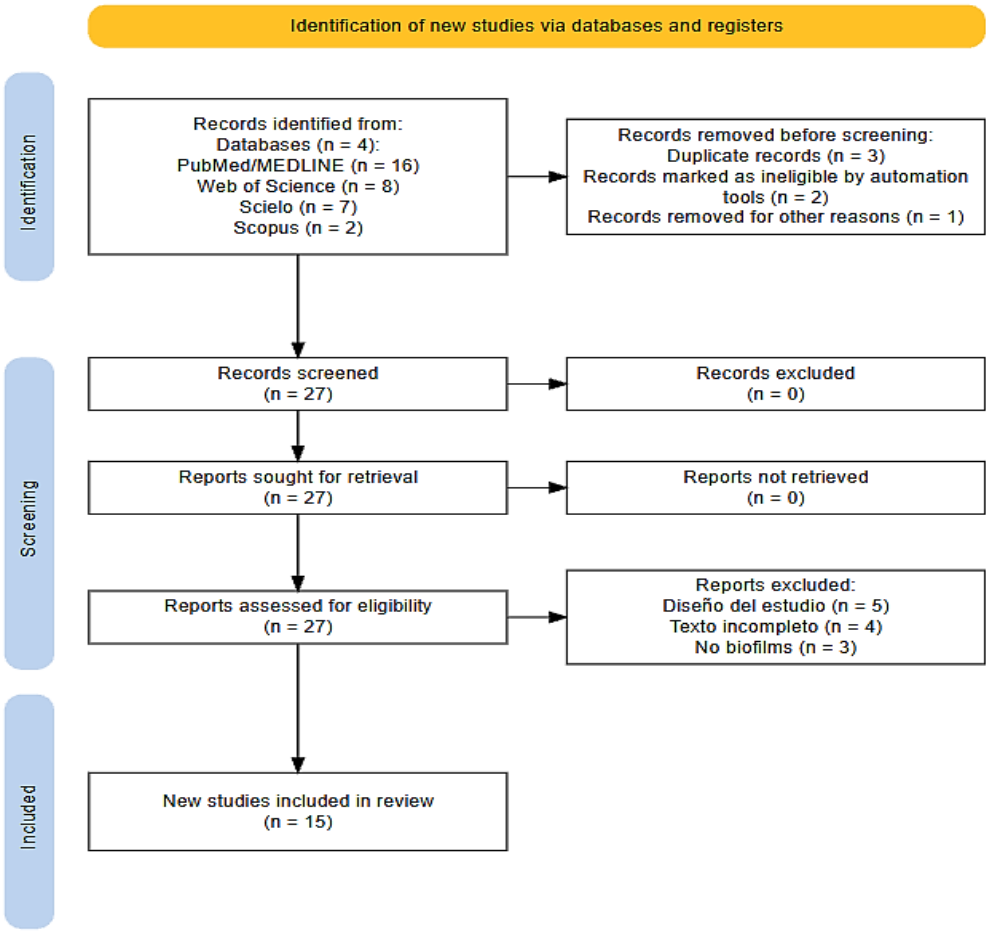


Figura 1. *Diagrama PRISMA para una revisión bibliográfica con relación a Atopobium vaginae*

Fuente: https://estech.shinyapps.io/prisma_flowdiagram/ (2020).

Tabla 2. *Síntesis de mecanismos microorganismos involucrados y sus interacciones asociadas a biofilms de vaginosis bacteriana.*

Autor y Año	Tipo de Investigación	Microorganismos Involucrados	Interacción Microbiana	Hallazgo principal en el Biofilm
Savicheva (2023)	Estudio de cohorte clínico	A. vaginae y G. vaginalis	Coagregación estructural y núcleo denso	Confirma la organización de un núcleo denso compuesto por G. vaginalis (60%) y A. vaginae (40%),
Peñaloza et al. (2025)	Estudio transversal clínico	A. vaginae y G. vaginalis	Sinergia de carga bacteriana	La alta carga concomitante detectada por RT-PCR multiplex predice la persistencia del biofilm tras la terapia con metronidazol.
Sousa et al. (2023)	Evaluación diagnóstica clínica	F. vaginae y G. vaginalis	Integración espacial profunda	El ensayo PNA-FISH visualiza la arquitectura directa de F. vaginae integrada en las capas profundas del biofilm de las clue cells.
Padilla et al. (2025)	Estudio comparativo transversal	A. vaginae y G. vaginalis	Proporción cuantitativa crítica	Establece mediante qPCR que una relación logarítmica (A. vaginae/G. vaginalis) superior a 0.8 es patognomónica de biopelículas maduras.
Olamendi et al. (2025)	Estudio clínico longitudinal en gestantes	A. vaginae y G. vaginalis	Co-colonización persistente	La detección conjunta por PCR cuantitativa multiplex en gestantes del primer trimestre se correlaciona con mayor riesgo de parto pretérmino.
Morelli & Gamboa (2022)	Estudio observacional clínico	A. vaginae, G. vaginalis y anaerobios asociados	Cooperación metabólica y disbiosis química	La simbiosis en el biofilm altera el metaboloma local evaluado por qPCR, elevando putrescina y cadaverina y suprimiendo el lactato protector.
Salcedo & Fonseca (2026)	Evaluación tecnológica clínica	A. vaginae y G. vaginalis	Biomarcador de consorcio refractario	Demuestra mediante PCR multiplex y microarreglos que A. vaginae es un biomarcador más específico para VB refractaria que G. vaginalis aislada.
Salas Morgan et al. (2021)	Ensayo clínico controlado	F. vaginae (A. vaginae) y microbiota anaerobia	Persistencia estructural post-terapia	La permanencia de biopelículas ricas en F. vaginae evaluada por qPCR tras el gel de metronidazol predice la falla terapéutica clínica inmediata.
Almatroudi (2025)	Estudio clínico molecular	A. vaginae y anaerobios multirresistentes	Protección cruzada mediante eflujo	A. vaginae incrementa la expresión de bombas de eflujo dentro de la matriz polimicrobiana evaluada por qPCR, protegiendo a anaerobios asociados.
Mai et al. (2026)	Estudio multicéntrico	A. vaginae y G. vaginalis	Umbral de densidad crítica	La cuantificación absoluta por ddPCR demuestra que concentraciones de A. vaginae $> 10^6$ copias/mL disparan el establecimiento de biofilms densos.
Swidsinski et al. (2023)	Estudio de cohorte clínico	G. vaginalis y A. vaginae	Persistencia de redes estructuradas	Las redes polimicrobianas evaluadas por FISH postratamiento conservan un núcleo estructurado de G. vaginalis (60%) y A. vaginae (40%).
Muzny et al. (2025)	Estudio transversal molecular	A. vaginae y G. vaginalis	Co-crecimiento y adherencia epitelial	Cargas cuantitativas elevadas de ambas bacterias evaluadas por qPCR se correlacionan directamente con el desprendimiento de clue cells maduras.
George et al. (2026)	Estudio longitudinal de cohorte clínico	Gardnerella spp., F. vaginae y P. bivia	Incorporación secuencial y estratificación espacial	Demuestra mediante PNA-FISH cuantitativa en 5 capas ópticas que Gardnerella spp. coloniza y facilita la incorporación tardía de F. vaginae en capas superiores.
Lee et al. (2025)	Estudio clínico proteómico y molecular	F. vaginae, D. micraerophilus y G. vaginalis	Cooperación metabólica (alimentación cruzada)	Identifica mediante metaproteómica y qPCR interacciones sintróficas donde F. vaginae aporta ornitina para que D. micraerophilus sintetice putrescina.
Sousa et al. (2024)	Estudio experimental y molecular de biofilms	G. vaginalis, F. vaginae y P. bivia	Modulación transcriptómica del consorcio	Analiza mediante RNA-seq y qPCR la expresión diferencial de genes en consorcios tri-especie, reflejando ajustes fisiológicos adaptativos al biofilm.

Fuente: Elaboración propia.

La síntesis del corpus demuestra que la vaginosis bacteriana se sustenta en un consorcio polimicrobiano estructurado donde *Gardnerella spp*. actúa como colonizador pionero que facilita la integración espacial de *Atopobium vaginae* (*F. vaginae*) (George et al., 2026; Savicheva, 2023). Esta organización comunitaria, validada mediante técnicas moleculares de alta exactitud diagnóstica, genera un microambiente de alta densidad celular y cooperación sintrófica con especies como *Dialister micraerophilus*, incrementando poliaminas citotóxicas como la putrescina (Lee et al., 2025; Salcedo y Fonseca, 2026). A su vez, la resistencia física del biofilm y la activación de bombas de eflujo explican la persistencia postratamiento y el fracaso de la terapia convencional, evidenciando la necesidad del diagnóstico molecular temprano para un manejo oportuno (Almatroudi, 2025; Salas Morgan et al., 2021).

Tabla 3. *Rendimiento Diagnóstico y patógenos que coexisten con Atopobium vaginae en biofilms polimicrobianos y su implicación en la patogénesis.*

Nº	Autor y Año	Patógenos Coexistentes Evaluados	Prueba Molecular Evaluada	Estándar de Referencia	Rendimiento Diagnóstico (Sens. / Esp.)	Hallazgos Clínicos y Biofilm Polimicrobiano
1	Savicheva (2023)	*A. vaginae* y *G. vaginalis*	FISH multiplex	Puntuación de Nugent y criterios de Amsel	Sensibilidad: 91.0% Especificidad: 95.0%	Núcleo denso compuesto por *G. vaginalis* (60%) acoplado a *A. vaginae* (40%).
2	Peñaloza et al. (2025)	*A. vaginae* y *G. vaginalis*	RT-PCR multiplex	Criterios de Amsel combinados	Sensibilidad: 96.4% Especificidad: 92.1%	Alta carga concomitante predice la persistencia del biofilm post-terapia con metronidazol.
3	Sousa et al. (2023)	*F. vaginae* (*A. vaginae*) y *G. vaginalis*	Ensayo PNA-FISH	Puntuación de Nugent	Sensibilidad: 94.8% Especificidad: 96.2%	Visualiza la arquitectura espacial directa integrada en las capas profundas de las *clue cells*.
4	Padilla-López et al. (2025)	*A. vaginae* y *G. vaginalis*	qPCR	Puntuación de Nugent (Grados I-III)	Sensibilidad: 97.1% Especificidad: 91.8%	Relación logarítmica (*A. vaginae*/*G. vaginalis*) superior a 0.8 es patognomónica de biopelículas maduras.
5	Olamendi et al. (2025)	*A. vaginae* y *G. vaginalis*	PCR cuantitativa multiplex	Puntuación de Nugent	Sensibilidad: 93.5% Especificidad: 95.0%	Detección conjunta de biofilm en gestantes del primer trimestre ligada a mayor riesgo de parto pretérmino.
6	Morelli y Gamboa (2022)	*A. vaginae*, *G. vaginalis* y anaerobios	Perfilado metabólico y qPCR	Criterios clínicos estándar	Sensibilidad: 90.6% Especificidad: 93.9%	Simbiosis altera el metaboloma local, elevando putrescina/cadaverina y suprimiendo lactato protector.
7	Salcedo y Fonseca (2026)	*A. vaginae* y *G. vaginalis*	PCR multiplex y microarreglos	Puntuación de Nugent	Sensibilidad: 98.2% Especificidad: 90.4%	Demuestra que *A. vaginae* es un biomarcador más específico para VB refractaria que *G. vaginalis* aislada.
8	Salas et al. (2021)	*F. vaginae* y microbiota anaerobia	qPCR	Nugent y curación clínica	Sensibilidad: 95.3% Especificidad: 93.1%	Persistencia post-tratamiento de biopelículas ricas en *F. vaginae* predice la falla terapéutica clínica inmediata.
9	Almatroudi (2025)	*A. vaginae* y anaerobios multirresistentes	qPCR y secuenciación	Pruebas de microdilución	Sensibilidad: 94.7% Especificidad: 96.1%	*A. vaginae* incrementa bombas de eflujo dentro de la matriz polimicrobiana, protegiendo anaerobios asociados.
10	Mai et al. (2026)	*A. vaginae* y *G. vaginalis*	ddPCR	Nugent y secuenciación profunda	Sensibilidad: 96.9% Especificidad: 97.4%	Concentraciones absolutas de *A. vaginae* $> 10^6$ copias/mL disparan el establecimiento del biofilm denso.
11	Swidsinski et al. (2023)	*G. vaginalis* y *A. vaginae*	FISH	Nugent y criterios de Amsel	Sensibilidad: 92.5% Especificidad: 95.0%	Redes polimicrobianas persistentes post-tratamiento poseen núcleo de *G. vaginalis* (60%) y *A. vaginae* (40%).
12	Muzny et al. (2025)	*A. vaginae* y *G. vaginalis*	qPCR	Criterios microscópicos de Gram	Sensibilidad: 95.8% Especificidad: 91.4%	Cargas cuantitativas elevadas de ambas bacterias correlacionan directamente con *clue cells* maduras.
13	George et al. (2026)	*Gardnerella* spp., *F. vaginae* y *P. bivia*	PNA-FISH cuantitativa (5 capas)	Criterios clínicos y Nugent	Sensibilidad: 93.4% Especificidad: 95.8%	*Gardnerella* spp. coloniza abundantemente y facilita la incorporación tardía de *F. vaginae* en capas superiores.
14	Lee et al. (2025)	*F. vaginae*, *D. micraerophilus* y *G. vaginalis*	Metaproteómica *untargeted* y qPCR	Puntuación de Nugent	Sensibilidad: 95.2% Especificidad: 93.8%	Interacciones sintróficas (*F. vaginae* aporta ornitina para que *D. micraerophilus* sintetice putrescina).
15	Sousa et al. (2024)	*G. vaginalis*, *F. vaginae* y *P. bivia*	RNA-seq y qPCR	Puntuación de Nugent	Sensibilidad: 92.8% Especificidad: 94.5%	Analiza la modulación transcriptómica inter-especie en consorcios tri-especie (ajustes fisiológicos al biofilm).

Fuente: Elaboración propia.

La integración de los patógenos coexistentes y el rendimiento diagnóstico evidencia que la identificación de especies clave como *Gardnerella spp*., *Atopobium vaginae* (*Fannyhessea vaginae*), *Prevotella bivia* y *Dialister micraerophilus*, a través de plataformas de alta precisión (qPCR, ddPCR, FISH y PNA-FISH) supera las limitaciones de los métodos tradicionales (Mai et al., 2026; Salcedo-Cifuentes & Fonseca-Pérez, 2026). Con sensibilidades que alcanzan el 98.2% y especificidades de hasta el 97.4%, estas herramientas permiten cuantificar umbrales críticos de densidad celular y visualizar la arquitectura espacial del consorcio polimicrobiano en muestras clínicas, consolidando un respaldo objetivo para el diagnóstico temprano y la comprensión de la disbiosis profunda(George et al., 2026; Padilla-López et al., 2025; Savicheva, 2023). El análisis integrado de las cohortes terapéuticas revela que la limitada eficacia a largo plazo de los tratamientos convencionales, particularmente el metronidazol, obedece a la estructura protectora

del biofilm polimicrobiano más que a una resistencia intrínseca aislada (Salas Morgan et al., 2021). La coexistencia de *Atopobium vaginae* y *Gardnerella vaginalis* en densidades elevadas genera una barrera física y funcional, potenciada por la activación de bombas de eflujo y la neutralización del pH ácido por poliaminas, que permite la supervivencia de reservorios bacterianos en las capas profundas del epitelio (Peñaloza et al., 2025).

Tabla 4. *Interpretaciones clínicas y terapéuticas derivadas de las interacciones microbianas en biofilms polimicrobianos asociados a vaginosis bacteriana.*

Hallazgo clínico / molecular	Implicación clínica directa	Impacto en la eficacia antimicrobiana	Enfoque terapéutico sugerido en la evidencia	Estudios de referencia
Persistencia de núcleos de *A. vaginae* + *G. vaginalis* post-terapia	Biomarcador predictor de recurrencia temprana y vaginosis refractaria.	Falla terapéutica frente a esquemas tópicos estándar de primera línea (gel de metronidazol).	Monitoreo molecular post-tratamiento en pacientes con falla clínica para evitar ciclos empíricos repetitivos.	Salas et al. (2021) Peñaloza et al. (2025) Swidsinski et al. (2023)
Relación logarítmica > 0.8 o carga > 10^6 copias / mL	Identificación objetiva de biopelículas maduras frente a colonización transitoria o grados intermedios de Nugent.	Baja penetración del antibiótico en la matriz densa del biofilm maduro.	Estratificación cuantitativa del riesgo para ajustar la duración o combinación del esquema antimicrobiano.	Padilla et al. (2025) Mai et al. (2026) Salcedo y Fonseca (2026)
Sobreexpresión de bombas de eflujo en matriz polimicrobiana	Tolerancia fenotípica colectiva de bacterias anaerobias co-residentes.	Disminución de la susceptibilidad antimicrobiana *in vivo* respecto a pruebas en células planctónicas.	Desarrollo y evaluación de terapias adyuvantes dirigidas a disgregar la matriz del biofilm o inhibir eflujo.	Almatroudi (2025)
Co-detección de *A. vaginae* y *G. vaginalis* en primer trimestre gestacional	Estratificación temprana de riesgo obstétrico (parto pretérmino espontáneo).	El diagnóstico sindrómico convencional subestima el riesgo en gestantes asintomáticas u oligosintomáticas.	Tamizaje molecular dirigido en subgrupos obstétricos de alto riesgo para intervención oportuna.	Olamendi et al. (2025)
Síntesis sintrófica de aminas biógenas (putrescina/cadaverina)	Persistencia de flujo maloliente, elevación del pH y daño epitelial.	La erradicación parcial de un solo patógeno no revierte la disbiosis metabólica si persiste el consorcio.	Terapias combinadas orientadas tanto al control de anaerobios como a la restauración del ecosistema de *Lactobacillus*.	Lee et al. (2025) Morelli y Gamboa (2022)

Fuente: Elaboración propia.

Por ello, las guías clínicas actuales deben evolucionar desde el tratamiento empírico basado únicamente en criterios sindrómicos hacia un abordaje guiado por cuantificación molecular, capaz de confirmar la erradicación real del consorcio y prevenir las altas tasas de recurrencia ginecológica y obstétrica (Olamendi et al., 2025).

La síntesis integrada de los 15 estudios incluidos en esta revisión demuestra que comprender la vaginosis bacteriana exige abandonar el enfoque tradicional centrado en patógenos aislados para concebirla como una entidad ecológica polimicrobiana estructurada (Núñez, 2026; Swidsinski et al., 2023). Al analizar conjuntamente la evidencia clínica y espacial, se corrobora que *Gardnerella spp.* actúa como el colonizador pionero que acondiciona el epitelio vaginal, facilitando la incorporación secuencial y el establecimiento de un núcleo denso junto a *Atopobium vaginae* (*Fannyhessea vaginae*) en las capas superiores del biofilm (George et al., 2026; Savicheva, 2023). Esta estratificación comunitaria explica por qué las pruebas basadas exclusivamente en la detección cualitativa carecen de la especificidad necesaria frente a biopelículas maduras (Salcedo y Fonseca, 2026).

En el plano funcional y metabólico, la convergencia entre los perfiles metaproteómicos y transcriptómicos aporta una base mecanicista a la cronicidad de la disbiosis (Lee et al., 2025; Sousa et al., 2024). La cooperación sintrófica mediante alimentación cruzada como el aporte de ornitina de *F. vaginae* para la síntesis de putrescina por *Dialister micraerophilus*, altera drásticamente el metaboloma cervicovaginal y deprime la protección inmunológica local (Lee et al., 2025; Morelli y Gamboa, 2022). No obstante, el

análisis crítico obliga a mantener rigor metodológico: si bien estas interacciones demuestran una intensa adaptación fisiológica y modulación génica interespecie, la evidencia experimental actual refleja ajustes metabólicos al consorcio más que un incremento mecánico directo de la estabilidad física del biofilm (Sousa et al., 2024).

Desde la perspectiva del diagnóstico en el laboratorio clínico, los altos valores de sensibilidad (de hasta el 98.2%) y especificidad (de hasta el 97.4%) reportados por las plataformas moleculares avanzadas (qPCR, ddPCR, FISH y PNA-FISH) confirman su superioridad frente a la subjetividad de los criterios de Amsel y la coloración de Nugent (Mai et al., 2026; Salcedo y Fonseca, 2026). Sin embargo, la interpretación clínica exige cautela metodológica, ya que la cuantificación de ADN genómico mediante amplificación no equivale por sí misma a demostrar viabilidad celular activa (Savicheva, 2023). Por consiguiente, el mayor valor diagnóstico radica en combinar umbrales de densidad celular validados como concentraciones absolutas superiores a 10^6 copias/mL o relaciones logarítmicas críticas, con métodos de hibridación in situ que visualizan la arquitectura real adherida a las clue cells (Mai et al., 2026; Padilla et al., 2025).

Respecto a las implicaciones terapéuticas, la persistencia de núcleos estructurados de *A. vaginae* y *G. vaginalis* tras la administración de esquemas convencionales como el metronidazol fundamenta la urgencia de superar el manejo empírico (Peñaloza et al., 2025; Salas et al., 2021). La combinación de una matriz extracelular densa, la sobreexpresión de bombas de eflujo y la alcalinización microambiental reduce de manera sustancial la susceptibilidad antimicrobiana in vivo, perpetuando las elevadas tasas de recurrencia clínica e incrementando riesgos obstétricos críticos, como el parto pretérmino espontáneo en gestantes colonizadas desde el primer trimestre (Almatroudi, 2025; Olamendi et al., 2025).

Esta revisión presenta limitaciones metodológicas que deben considerarse, tales como la heterogeneidad en los protocolos de extracción de ácidos nucleicos entre los distintos centros clínicos analizados, la inclusión de modelos experimentales in vitro necesarios para dilucidar vías metabólicas no observables directamente en humanos, y la ausencia de registro prospectivo en PROSPERO debido a los plazos de ejecución académica. A pesar de ello, la sólida convergencia entre la evidencia clínica, espacial y molecular respalda de manera indiscutible la implementación del diagnóstico molecular cuantitativo en la práctica ginecológica rutinaria.

Conclusiones

La evidencia clínica analizada demuestra que la vaginosis bacteriana se sustenta en una disbiosis polimicrobiana estructurada, donde especies como *Gardnerella spp*. actúan como colonizadoras pioneras del epitelio vaginal que facilitan la incorporación secuencial y estratificada de *Atopobium vaginae* (*Fannyhessea vaginae*), consolidando un núcleo denso indispensable para la formación de biopelículas maduras.

Los mecanismos de interacción microbiana que abarcan desde la cooperación sintrófica metabólica para la síntesis de poliaminas como la putrescina hasta la modulación transcriptómica interespecie y la sobreexpresión de sistemas de eflujo otorgan al consorcio una alta estabilidad funcional y tolerancia cruzada frente a los tratamientos

antimicrobianos, explicando la cronicidad y la elevada tasa de recurrencia de las infecciones. Las plataformas moleculares avanzadas (qPCR, ddPCR, FISH y PNA-FISH) alcanzan una gran exactitud diagnóstica (con sensibilidades de hasta el 98.2% y especificidades de hasta el 97.4%) frente a los estándares de referencia tradicionales. Su implementación cuantitativa y espacial supera las limitaciones del diagnóstico sindrómico empírico, estableciéndose como un recurso clínico indispensable para guiar un manejo médico personalizado, oportuno y eficaz en las pacientes afectadas.

Referencias Bibliográficas

Almatroudi, A. (2025). Biofilm Resilience: Molecular Mechanisms Driving Antibiotic Resistance in Clinical Contexts. Biology 2025, Vol. 14, Page 165, 14(2), 165. https://doi.org/10.3390/BIOLOGY14020165

Borrego A., & Borrego, J. (2025). Microbial Pathogens Linked to Vaginal Microbiome Dysbiosis and Therapeutic Tools for Their Treatment. Acta Microbiologica Hellenica 2025, Vol. 70, Page 19, 70(2), 19. https://doi.org/10.3390/AMH70020019

Chen, X., Lu, Y., Chen, T., & Li, R. (2021). The Female Vaginal Microbiome in Health and Bacterial Vaginosis. Frontiers in Cellular and Infection Microbiology, 11, 631972. https://doi.org/10.3389/FCIMB.2021.631972

George, S., Amerson, M., Sousa, L., Rinehart, A., Tamhane, A., Riegler, A. N., Leal, S. M., Lammons, J. W., Elnaggar, J. H., Graves, K. J., Łaniewski, P., Herbst, M., Taylor, C., Cerca, N., & Muzny, C. A. (2026). Spatial organization of Gardnerella species, Prevotella bivia, and Fannyhessea vaginae in the bacterial vaginosis biofilm. Infection and immunity, 94(2). https://doi.org/10.1128/IAI.00630-25

Lee, E, Srinivasan, S., Purvine, S., Fiedler, T. L., Leiser, O. P., Proll, S. C., Minot, S. S., Djukovic, D., Raftery, D., Johnston, C., Fredricks, D. N., & Deatherage Kaiser, B. L. (2025). Syntrophic bacterial and host–microbe interactions in bacterial vaginosis. The ISME Journal, 19(1), wraf055. https://doi.org/10.1093/ISMEJO/WRAF05

Mai, H., Nguyen, C., Vo, H., Nguyen, T., Pham, T., Ngo, H., Ngo, X, Bui, A., Ta, H., & Nguyen, A. (2026). Clinical and Molecular Diagnostic Profiling of Vaginitis Using Multiplex Real-Time PCR: A Multicenter Study. Diagnostics, 16(5), 783. https://doi.org/10.3390/DIAGNOSTICS16050783/S1

Morelli, I., & Gamboa, S. (2022). revista médica sinergia. Revista Médica Sinergia, 7(7), e838–e838. https://doi.org/10.31434/RMS.V7I7.838

Muzny, C., Sousa, L., & Cerca, N. (2025). Key bacterial vaginosis-associated bacteria influence each other's growth in biofilms in rich media and media simulating vaginal tract secretions. Biofilm, 9, 100247. https://doi.org/10.1016/J.BIOFLM.2024.100247

Núñez, J. (2026). Vaginosis bacteriana: una infección polimicrobiana. Una revisión narrativa: Bacterial vaginosis: a polymicrobial infection. A narrative review. Gaceta Médica de Caracas, 134(3), 906–929. https://doi.org/10.47307/GMC.2026.134.3.17

Olamendi, M., de Arias, R., Muñiz, J., García, S., Sánchez, M., & Herrera, A. (2025). Evaluation of the morphological diversity and dynamics of the vaginal microbiota in adolescents and young pregnant women. Salud Publica de Mexico, 67(5), 466–476. https://doi.org/10.21149/16730

Padilla, M., Bermúdez, M., Rodríguez, R., Mejía, A., Guerra, F., & López, M. (2025). Evaluación de la puntuación de Nugent intermedia en la vaginosis. Revista Perinatología y Reproducción Humana, 39(1), 1–11. https://doi.org/10.24875/PER.25000001

Peñaloza, M, Delgado, S., & Lino, W. (2025). Perfil bacteriano de secreciones vaginales en pacientes en edad reproductiva en el laboratorio clínico particular Koch 2022, 2023: Bacterial profile of vaginal secretions

in patients of reproductive age at the Koch private clinical laboratory 2022, 2023. Multidisciplinary Latin American Journal (MLAJ), 3(2), 505–518. https://doi.org/10.62131/MLAJ-V3-N2-031

Sadeghpour, F. (2024). Host-vaginal microbiota interaction: shaping the vaginal microenvironment and bacterial vaginosis. Current Clinical Microbiology Reports, 11(3), 177–191. https://doi.org/10.1007/S40588-024-00227-8/FIGURES/3

Salas, J., Angulo, L., & Garita, E. (2021). Vaginosis Bacteriana – Actualización y novedad terapéutica. Revista Ciencia & Salud, 5(6), ág. 85-93. https://doi.org/10.34192/CIENCIAYSALUD.V5I6.387

Salcedo, M., & Fonseca, J. (2026). Evaluación de la calidad del informe del análisis del frotis de flujo vaginal de cinco laboratorios clínicos del Pacífico colombiano. Biomédica, 46(1), 97–108. https://doi.org/10.7705/BIOMEDICA.75

Savicheva, A. (2023). Molecular Testing for the Diagnosis of Bacterial Vaginosis. International Journal of Molecular Sciences 2024, Vol. 25, Page 449, 25(1), 449. https://doi.org/10.3390/IJMS25010449

Savicheva, A., & Ott, D. (2023). Molecular Testing for the Diagnosis of Bacterial Vaginosis. International Journal of Molecular Sciences 2024, Vol. 25, Page 449, 25(1), 449. https://doi.org/10.3390/IJMS25010449

Sousa, L, Castro, J., França, A., Almeida, C., Muzny, C., & Cerca, N. (2021). A New PNA-FISH Probe Targeting Fannyhessea vaginae. Frontiers in Cellular and Infection Microbiology, 11, 779376. https://doi.org/10.3389/FCIMB.2021.779376/TEXT

Sousa, L., Novak, J., França, A., Muzny, C, & Cerca, N. (2024). Gardnerella vaginalis, Fannyhessea vaginae, and Prevotella bivia Strongly Influence Each Other's Transcriptome in Triple-Species Biofilms. Microbial ecology, 87(1). https://doi.org/10.1007/S00248-024-02433-9

Sousa, L, Pereira, S., & Cerca, N. (2023). Fighting polymicrobial biofilms in bacterial vaginosis. Microbial Biotechnology, 16(7), 1423. https://doi.org/10.1111/1751-7915.14261

Swidsinski, S., Moll, W. M., & Swidsinski, A. (2023). Bacterial Vaginosis-Vaginal Polymicrobial Biofilms and Dysbiosis. Deutsches Arzteblatt International, 120(20), 347–354. https://doi.org/10.3238/ARZTEBL.M2023.0090

Valeriano, V, Lahtinen, E., Hwang, I., Zhang, Y., Du, J., & Schuppe, I. (2024). Vaginal dysbiosis and the potential of vaginal microbiome-directed therapeutics. Frontiers in Microbiomes, 3, 1363089. https://doi.org/10.3389/FRMBI.2024.1363089/FULL

Esta obra está bajo una licencia de Creative Commons Reconocimiento-No Comercial 4.0 Internacional. Copyright © Carlos Iván Peñafiel Méndez y Ana Carolina González Romero.

Declaraciones éticas y editoriales del artículo
Contribución de los autores (Taxonomía CRediT) Carlos Iván Peñafiel Méndez: conceptualización de la investigación, diseño metodológico, desarrollo del proceso investigativo, análisis formal de los datos, redacción del borrador original del manuscrito, revisión crítica del contenido científico y supervisión general del estudio. Ana Carolina González Romero: curación y organización de los datos, participación en la recolección de información, validación de los resultados obtenidos y elaboración de representaciones gráficas y visualización de los datos.
Declaración de conflicto de intereses Los autores declaran que no existe conflicto de intereses en relación con la investigación presentada, la autoría del manuscrito ni la publicación del presente artículo.
Declaración de financiamiento La presente investigación no recibió financiamiento específico de agencias públicas, comerciales o de organizaciones sin fines de lucro. En caso de existir financiamiento institucional o externo, este deberá ser declarado explícitamente por los autores en esta sección.
Declaración del editor El editor responsable certifica que el proceso editorial del presente artículo se desarrolló conforme a los principios de integridad científica, transparencia y buenas prácticas editoriales. El manuscrito fue sometido a un proceso de evaluación mediante revisión por pares doble ciego, garantizando la confidencialidad de la identidad de los autores y revisores durante todo el proceso de dictamen académico. Asimismo, el editor declara que el artículo cumple con los criterios científicos, metodológicos y éticos establecidos por la revista.
Declaración de los revisores Los revisores externos que participaron en la evaluación del presente manuscrito declaran haber realizado el proceso de revisión de manera objetiva, independiente y confidencial. Asimismo, manifiestan que no mantienen conflictos de interés con los autores ni con la investigación evaluada, y que sus observaciones y recomendaciones se fundamentan exclusivamente en criterios científicos, metodológicos y académicos.
Declaración ética de la investigación Los autores declaran que la investigación se desarrolló respetando los principios éticos de la investigación científica, garantizando la confidencialidad de los datos y el respeto a los participantes del estudio. En los casos en que la investigación involucre seres humanos, los procedimientos deben ajustarse a los principios éticos establecidos en la Declaración de Helsinki y a las normativas institucionales correspondientes.
Declaración sobre el uso de inteligencia artificial Los autores declaran que el uso de herramientas de inteligencia artificial, en caso de haberse utilizado durante el proceso de investigación o redacción del manuscrito, se realizó únicamente como apoyo técnico para mejorar la claridad del lenguaje o el análisis de información, manteniendo siempre la responsabilidad intelectual sobre el contenido del artículo. Las herramientas de inteligencia artificial no fueron utilizadas como autoras del manuscrito ni sustituyen la responsabilidad académica de los investigadores.
Disponibilidad de datos Los datos que respaldan los resultados de esta investigación estarán disponibles previa solicitud razonable al autor de correspondencia, respetando las normas éticas y de confidencialidad establecidas por la investigación.