

UNIVERSIDAD NACIONAL AUTONOMA DE MEXICO



FACULTAD DE MEDICINA

HOSPITAL GENERAL DR. MANUEL GEA GONZALEZ

TITULO:

"FILOGENIA MOLECULAR Y RESISTENCIA ANTIFUNGICA DE CANDIDA
AISLADAS DE PACIENTES CON VULVOVAGINITIS ATENCION EN LOS
CASOS DE REPETICION"

TESIS

QUE PARA OPTAR POR EL GRADO EN:

GINECOLOGIA Y OBSTETRICIA

PRESENTA:

HILDA SANCHEZ HERNANDEZ

TUTOR PRINCIPAL

DRA. ELBA LUCIA RANGEL GAMBOA

MEXICO D.F. 02 DE JUNIO 2016





UNAM – Dirección General de Bibliotecas Tesis Digitales Restricciones de uso

DERECHOS RESERVADOS © PROHIBIDA SU REPRODUCCIÓN TOTAL O PARCIAL

Todo el material contenido en esta tesis está protegido por la Ley Federal del Derecho de Autor (LFDA) de los Estados Unidos Mexicanos (México).

El uso de imágenes, fragmentos de videos, y demás material que sea objeto de protección de los derechos de autor, será exclusivamente para fines educativos e informativos y deberá citar la fuente donde la obtuvo mencionando el autor o autores. Cualquier uso distinto como el lucro, reproducción, edición o modificación, será perseguido y sancionado por el respectivo titular de los Derechos de Autor.

Filogenia molecular y resistencia antifúngica de especies de Candida aisladas de pacientes con vulvo-vaginitis con atención especial en los casos de repetición

Dra. Hilda Sánchez Hernández

HOSPITAL GENERAL MANUEL GEA GONZALEZ

AUTORIZACIONES

DR. OCTAVIO SIERRA MARTINEZ

DIRECTOR DE ENSEÑANZA

HOSPITAL GENERAL
"DR. MANUEL GEA
GONZÁLEZ"

DIRECCIÓN DE
ENSEÑANZA
E INVESTIGACIÓN

DRA. MARIA ELISA VEGA MEMIJE

SUBDIRECTOR DE INVESTIGACION

DR. JORGE AUDIFRED SALOMON

JEFE DE SERVICIO DE GINECOLOGIA Y OBSTETRICIA

DRA. ELBA LUCIA RANGEL GAMBOA

Harm book.

INVESTIGADOR PRINCIPAL

	es de Candida aisladas de pacientes con vulvo-vaginitis con los casos de repetición
	nchez Hernández
Este trabajo de tesis con el número 11	-77-2015, representado por la Dra. Hilda
Sánchez Hernández se presenta en form	na con visto bueno por el tutor principal de
la tesis, la Dra. Elba Lucia Rangel Gamb	oa con fecha 13 junio 2016.
11, 11	
pu this Vege M	Hamkook
Dra. María Elisa Vega Memije	Dra. Elba Lucia Rangel Gamboa
Subdirección de Investigación	Investigador Principal

Agradecimientos

Agradecemos el apoyo incondicional y amable colaboración de:

- Dr. Fernando Martínez Hernández, para la creación del archivo .fdi en el Software Network los cuales permitió construir el árbol de redes haplotípicas.
- QFB. Fabiola Sánchez, en la recolección de las muestras positivas para levaduras en el laboratorio clínico así como por su orientación para la ejecución de las pruebas de susceptibilidad antifúngica.
- Al Dr. Samuel Weingerz, por sus aportaciones en la redacción del protocolo.

INDICE

Autorizaciones 2 **Agradecimientos** Resumen **Abstract** 7 1. Introducción 8 2. Marco de referencia 12 3. Planteamiento del problema 14 4. Hipótesis 15 5. Objetivos 15 6. Justificación 16 7. Diseño experimental **17** 8. Materiales y métodos 17 9. Resultados 29 10. Discusión 47 11. Conclusiones 48 12. Referencias bibliográficas 55

RESUMEN

La vulvovaginitis por Candida spp. (VVC) se considera una condición patológica que puede ser de transmisión sexual. Afecta millones de mujeres al año, causa incomodidad e interfiere con las relaciones afectivas y sexuales, así como con el rendimiento laboral. La VVC es producida por un crecimiento anormal de levaduras en la mucosa genital femenina. Se caracteriza clínicamente por prurito vulvar intenso, leucorrea, dispareunia, disuria, edema y eritema vulvar. El incremento en la frecuencia de Candida no albicans se asocia tanto a factores del huésped como de los patógenos. En general se observa un aumento de la incidencia de especies de Candida no albicans comparado con C. albicans, algunas de estas especies como Candida glabrata y Candida krusei, pueden ser resistentes a la terapia antifúngica con azoles. Objetivo: Determinar las especies de Candida, sus patrones resistencia/susceptibilidad a los antifúngicos y las relaciones filogenéticas y de genética de poblaciones de los aislados obtenidos en pacientes con episodios de vulvovaginitis que acudieron a la consulta externa de ginecología del "Hospital General Dr. Manuel Gea González". Material y métodos: Se considerarán todas las pacientes mayores de 16 años, que acudan a la consulta de ginecología por vulvovaginitis de repetición y resulten positivas en el cultivo para levaduras del género Candida. Resultados. Durante un periodo de nueve meses, se recolectaron 88 exudados vaginales positivos a diferentes especies del genero Candida, obtenidos de 79 pacientes. De las 88 muestras, 19 no contaron con las condiciones necesarias para crecimiento de cultivo, extracción y amplificación de ADN; por lo cual se analizaron 69, que pertenecen a 61 pacientes, presentando 55 pacientes con 1 exudado positivo, seis pacientes (10% de la muestra) tenían más de una muestra positiva en dos tomas diferentes, de las cuales cuatro pacientes contaban con dos muestras positivas; un paciente con tres y un paciente con cuatro muestras positivas a Candida spp. La edad promedio de las pacientes al momento de la consulta fue 32 años. La mayoría refirió vida sexual activa; en relación al número de parejas sexuales reportaron tener una pareja sexual 32 (46%), dos 19 (28%), tres 13 (19%), cuatro 2 (3%), cero 2 (3%), siete una (1%). En cuanto a los métodos anticonceptivos: Oclusión tubaria bilateral (OTB) 22 (32%), hormonales 9 (23%), preservativos 6 (9%), dispositivo intrauterino (DIU) 5 (7%), histerectomía total abdominal (HTA) 5 (7%) y sin método anticonceptivo 22 (32%) pacientes. En 24 (34%) de los cultivos vaginales se presentaron microorganismos agregados. Utilizando medios cromógenos se reportaron C. albicans en 29 (42%), Candida spp. 39 (57%) y C. glabrata 1(1%). El análisis filogenético molecular demostró un predominio de C. glabrata en las pacientes con vulvovaginitis de repetición, así como mayor resistencia in vivo e in vitro a los antifúngicos, comparada con C. albicans. El análisis de genética de población evidenció poca variación genética de los aislados mexicanos comparados con los del resto del mundo.

ABSTRACT

Candida spp. vulvovaginitis (CVV) is considered a pathologic condition usually related with sexual intercourse. Millions of women are affected annually, suffering discomfort, affecting emotional and sexual relations and impairment in work execution. CVV is produce by abnormal development of yeast on female genital mucosa. Clinical characteristic included intense vulvar pruritus, leucorrhea, dyspareunia, dysuria, edema and vulvar erythema. The increase on Candida no albicans frequency has been associated with host and pathogen factors. In general, an increased on Candida no albicans incidence compared with C. albicans, have been observed and few species such as, Candida glabrata and Candida krusei, could be resistance to antifungal treatment with azoles. Objective: To determinate species of Candida presented in patients with vulvovaginitis studied at Gynecologic Department of General Hospital "Dr. Manuel Gea González", and the patrons of resistance/susceptibility to antifungical of these isolates, plus phylogenetic and genetic population relations. Material and methods: all patients older than 16 years old with clinical diagnosis of vulvovaginitis and confirmed by culture were included. Results. During a period of 9 moths, 88 samples positive to Candida spp., were recollected, there were isolated from 79 patients. 19 samples were excluded because culture don't growth or technical problems were presented during DNA extraction or amplification; that is why, only 69 were analyzed, belong to 61 patients, 55 woman have one positive results, whereas 6 patients (represented 10% of the sample) have more than one culture positive from two independent examination, four of these had two positive samples; one patient had three positive samples and other had four positive samples to Candida spp. The age average of females at the moment was 32 years old. Most of them have sexual partners, with one companion 32 (46%); two 19 (28%); three 13 (19%); four 2 (3%), seven 1 (1%), and without mate 2 (3%). In relation with use of anti-conception methods, 22 (32%) females reported used of bilateral tubal occlusion (BTO), other methods as hormones 9 (23%), condoms 6 (9%), intrauterine device (IUD) 5 (7%), total abdominal hysterectomy (TAH) 5 (7%) and without method 22 (32%). Associated microorganisms were presented in 24 (34%) of cultures. Phenotype identification using chromogenic media reveled C. albicans in 29 (42%), Candida spp. 39 (57%) and C. glabrata one (1%) patients. Phylogenetic analysis confirmed C. glabrata high frequency in patients with more than one episode of vulvovaginitis. Moreover, these isolate shown more in vivo and in vitro resistance to antifungal treatment, compared with C. albicans. Population genetic analyzes reveled lack of genetic variation of C. glabrata isolated compared with isolates from the rest of the world.

1. INTRODUCCIÓN

De acuerdo a la organización mundial de la salud la vulvovaginitis por Candida spp. (VVC) se considera una condición patológica que frecuentemente puede ser de transmisión sexual. Afecta millones de mujeres al año, causa incomodidad e interfiere con las relaciones afectivas y sexuales, así como con el rendimiento laboral. La VVC es producida por un crecimiento anormal de levaduras en la mucosa genital femenina. Se caracteriza clínicamente por prurito vulvar intenso, leucorrea, dispareunia, disuria, edema y eritema vulvar. Cuando existen condiciones favorables las levaduras vaginales pueden ser patógenas. Diversos factores aumentan el riesgo, como la colonización previa por otras levaduras, enfermedades o tratamientos inmunosupresores, etc.¹

El incremento en la frecuencia de *Candida no albicans* se ha asociado tanto a factores del huésped como de los patógenos. Existen factores bien conocidos como la inmunosupresión (HIV, tratamiento con esteroides o inmunomoduladores en pacientes postransplantados, pacientes con cáncer, diabetes o neutropenia).^{2 3}

^{4 5} También el uso frecuente de tratamientos antimicrobianos ha permitido el incremento de las infecciones causadas por hongos.

Candida albicans es la especie más recuperada en humanos, sin embargo durante los últimos 20 años se han aislado nuevas especies de Candida tanto en

pacientes con infecciones nosocomiales como en infecciones adquiridas en la comunidad. En general se observa un aumento de la incidencia de especies de *Candida no albicans* comparado con *C. albicans*, algunas de estas especies como *Candida glabrata y Candida krusei*, pueden ser resistentes a la terapia antifúngica con azoles; ⁶ cabe destacar que pese a su nombre *C. glabrata* está más relacionada desde el punto de vista filogenético con *Saccharomyces cerevisiae* que con *C. albicans*.⁷

Históricamente *C. glabrata* se consideraba parte de la flora normal en individuos sanos, sin embargo en la actualidad se clasifica como un patógeno destacado, siendo de los reportados con mayor frecuencia en el grupo de *Candida no albicans*. Las infecciones por *C. glabrata* pueden ser mucosas o sistémicas (ejemplo inmunocomprometidos o diabéticos). *C. glabrata* es la única especie de *Candida* que no presenta dimorfismo, por tanto las características morfológicas del patógeno no difieren entre su estado saprofito y patógeno. En general los organismos pertenecientes al género *Candida* forman colonias blancas cremosas, al microscopio se observan blastoconidias ovales. La ausencia de pseudohifas es característica de *C. glabrata*, otra característica que ayuda a identificar a *C. glabrata* en las infecciones vulvovaginales es la presencia de cápsula. ⁸ En CHROMagar se pueden identificar diferentes especies del genero *Candida*, en este medio *C. albicans* produce colonias verdes; *C. glabrata* se identifica por producir colonias que van del rosa intenso al magenta; mientras que *C. tropicalis*

genera colonias púrpura brillante y *C. krusei* color rosa pálido (Figura 1). Otros medios sólo permiten la distinción entre *Candida albicans* y *Candida no albicans*, entre estos se encuentra el chromIDTM Candida (bioMérieux) donde las colonias de *C. albicans* se observan en color azúl y las de *Candida. spp* en blanco.

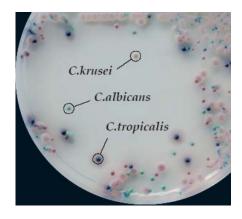


Figura 1. C. albicans y Candida no albicans en medio CHROMagar.

Una característica distintiva de *C. glabrata* es su genoma haploide comparado con el genoma diploide de otras especies de *Candida. C. glabrata* pertenece al grupo de levaduras "petite-positive" (positivas pequeñas), caracterizadas por la pérdida parcial (rho-) o incluso la pérdida completa del genoma mitocondrial (rho0), la cuál no es letal para esta levadura. Desde el punto de vista bioquímico se distingue por asimilar sólo glucosa y trehalosa, ésto asociado con un proceso evolutivo regresivo que involucro la pérdida de 29 genes participantes en el metabolismo de la galactosa y otros azucares, así como de genes participantes en el metabolismo del nitrógeno, sulfuro y fosfato. En la

actualidad se considera un linaje de levadura relacionado pero distante a *C. albicans*, entendiéndose que ambos linajes evolucionaron de forma independiente como patógenos. En estudios recientes, *C. glabrata* se encontró como la segunda o tercera causa de candidiasis mucosa incluyendo vulvovaginitis. Como factores de virulencia en *C. glabrata* se describió la producción de proteinasa e insensibilidad a factores medioambientales entre otros. En nuestra institución en el año 2013, se estudiaron 150 muestras de pared vaginal de pacientes asintomáticas entre 15 y 77 años, atendidas en el departamento de citología cervical, de las cuales el 47% presentó *C. albicans*, 26% *C. krusei*, 21% *C. glabrata* y 15% *C. tropicalis*; datos que evidencian la presencia de *Candida no albicans* en la población general. 11

Por otra parte, si bien se reconoce la importancia de las especie de *Candida no albicans* como patógenos emergentes, se conoce poco de la epidemiologia de los mismos. En los Estados Unidos de América, las vaginitis causadas por *C. glabrata* representan entre el 5 a 10% del total. ¹² In vitro *C. glabrata* usualmente es sensible a los diversos imidazoles, pero requiere concentraciones inhibitorias medias (MICs) mayores a las efectivas habitualmente contra *C. albicans*, con excepción del fluconazol al cual muestra poca actividad *in vitro* y con frecuencia franca resistencia *in vivo*. Sin embargo, *in vivo* los azoles diferentes al fluconazol tienen una tasa de efectividad en vaginosis por *C. glabrata* del 50%. Con otras opciones como el ácido bórico en cápsulas se reportó una efectividad de 70%

utilizando 600 mg/día por 14 días, también se recomienda como tratamiento nistatina o flucitosina OD por 14 días.

2. MARCO DE REFERENCIA

La diferenciación entre *C. albicans* y las *Candida no albicans*, no es posible utilizando simplemente las características macro y microscópicas de los cultivos, sino que requiere de pruebas bioquímicas o de medios especiales que permitan identificar características especiales como el dimorfismo o la formación de blastoesporas. Para facilitar su rápida identificación en los laboratorios clínicos, se diseñaron métodos especiales como el medio CHROMagar, mencionado previamente. Sin embargo estos métodos no identifican todas las especies de *Candida no albicans*, por lo cual es importante considerar métodos altamente sensibles y específicos como la identificación molecular.

En la actualidad existen secuencias comúnmente empleadas para establecer especies y subespecies. La selección de dichas secuencias debe considerar entre otros factores que los estudios de diversidad genética se benefician analizando genes que muestran variación ecológica relevante, más que marcadores aleatorios como los microsatélites. ¹³ Una secuencia frecuentemente empleada y cuya utilidad es reconocida ampliamente es, el ITS (por sus siglas en

inglés "Internal Transcribed Spacer" I y II), estas regiones se ubican entre los genes que codifican para las subunidades ribosomales 18S, 5.8S y 28S, dichas subunidades son esenciales para la síntesis de proteínas y se encuentran altamente conservadas, mientras que las regiones ITS al no ser codificantes presentan menor presión selectiva y mayor variabilidad. La ITS-II es útil para estudiar taxones estrechamente relacionados que divergieron hace menos de 50 millones de años y se consideran como una de las mejores herramientas para el análisis de sistemática de especies y subespecies. Por otra parte la secuencia comprendida por el ITS-I, el gen 5.8S e ITS-II se ha utilizado para demostrar diferencias entre especies. Por lo antes mencionado, en este estudio consideramos la identificación molecular de los aislados de *Candida spp.*, utilizando el segmento que comprende las regiones conocidas como ITS-I e ITS-II, así como el DNA que codifica para las subunidades ribosomales 5S y 28S (Figura 2). 14



Figura 2. Ubicación de los genes ribosomales 18S, 5.8S, 28S y de las regiones ITS-I e ITS-II.

Las infecciones por *Candida albicans* son comúnmente tratadas con drogas antifúngicas, las cuales inhiben la biosíntesis de ergosterol. La *C. albicans* puede

desarrollar resistencia a las drogas antifúngicas (azoles) por varios mecanismos, incluyendo las mutaciones enzimáticas codificadas por ERG11, la sobre expresión de ERG11 y de otros genes son causas frecuentes de resistencia clínica a *C. albicans.*¹⁵

3. PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA

En las últimas décadas se reportó un incremento en la presencia de Candida no albicans a nivel mundial. En México, se reportan como patógenos oportunistas en infecciones nosocomiales. En secreciones del tracto genital femenino se encontraron presentes en pacientes asintomáticas. Sin embargo se desconoce su incidencia en las pacientes con vulvovaginitis o si existe asociación con los casos de vulvovaginitis a repetición. Por lo anterior, identificar las especies de Candida presentes en nuestra población es importante, ya que los patrones de especiación y las especies causantes pueden variar al estar influidos por las condiciones del medio ambiente en cada localidad. En este contexto, identificar las especies de Candida spp., presentes en las pacientes con vulvovaginitis, estudiar su susceptibilidad y resistencia antifúngica, sus relaciones filogenéticas y su genética de población en relación a aislados de otros países, constituye información relevante para el manejo de las pacientes con vulvovaginitis en especial en aquellos casos recurrentes.

4. HIPOTESIS

Las pacientes con un único episodio de vulvovaginitis por levaduras presentarán como agente causal a *C. albicans* mientras que las pacientes con vulvovaginitis de repetición por levaduras presentarán mayor frecuencia de especies pertenecientes al grupo de *Candida no albicans*.

5. OBJETIVOS

- Determinar las especies de Candida presentes en las pacientes con vulvovaginitis que acudieron a la consulta externa de ginecología del Hospital General Dr. Manuel Gea González.
- Identificar las pacientes con vulvovaginitis de repetición y las especies de levaduras presentes en estos casos.
- Conocer los patrones de resistencia y susceptibilidad a los antifúngicos de los aislados de Candida spp. obtenidos de pacientes con vulvovaginitis de repetición.
- Establecer las relaciones filogenéticas y de genética de poblaciones de los aislados obtenidos.
- Determinar si existe asociación entre la especie y los patrones de susceptibilidad y resistencia antifúngica.

6. JUSTIFICACION

La vulvovaginitis es una causa frecuente de consulta ginecológica y se estima que tres de cada cuatro mujeres (75%) padecen una infección por levaduras, 16 algunas pacientes presentan múltiples episodios, lo que da orígen al concepto de vulvovaginitis de repetición, en algunos casos la recurrencia se asocia a factores del huésped como diabetes o tratamiento inmunosupresión, pero en otros puede estar asociado a las características de la levadura causante, por lo cual es importante identificar con exactitud tanto la presencia de factores predisponentes, como la especie del agente causal. En nuestra institución en la actualidad las levaduras provenientes de exudados vaginales se clasifican de rutina con medios cromogénico que permiten sólo la distinción entre C. albicans y Candida spp., o C. no albicans; sin embargo, en estos casos en general, no se identifican de rutina otras especies como C. glabrata, C. krusei, etc., (por motivos de costos) ni se realizan las pruebas de susceptibilidad antifúngica, por lo cual se desconoce cuáles son las levaduras asociadas, hecho que es importante especialmente en los casos de repetición. En este sentido, el presente trabajo permitió la identificación tanto de factores epidemiológicos como del agente asociado a las vulvovaginitis de repetición.

7. DISEÑO EXPERIMENTAL

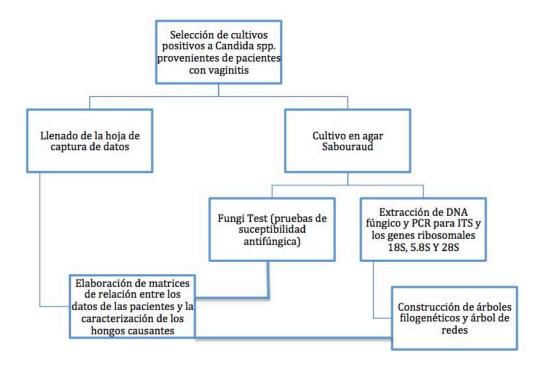


Figura 3. Flujograma del diseño experimental

8. MATERIALES Y METODOS

8.1. Universo de estudio

Se seleccionaron del laboratorio clínico los cultivos positivos de pacientes con diagnóstico clínico y microbiológico de vulvovaginitis por levaduras de abril 2015 hasta septiembre 2015.

8.2. Población de estudio

Se seleccionaron del laboratorio clínico los cultivos positivos para levaduras del género *Candida* obtenidos de pacientes con datos clínicos de vulvovaginitis desde abril de 2015 hasta septiembre 2015.

8.3. Tamaño de la muestra

Se realizó por conveniencia de acuerdo al número de cultivos positivos para levaduras del género *Candida* que se reportaron en el laboratorio clínico y que provenían de pacientes con diagnóstico clínico de vulvovaginitis, en el período de estudio mencionado.

8.4. Criterios de selección

Cultivos provenientes pacientes con diagnóstico clínico de vulvovaginitis que presentaron crecimiento de colonias blancas cremosas compatibles con levaduras del género *Candida* en agar Sabouraud.

8.5. Criterios de Inclusión

Se incluyeron todos los cultivos positivos para levaduras del género Candida que presentaron crecimiento en medio cromogénico Blomerieux chromID Candida, provenientes de pacientes con diagnóstico clínico de vulvovaginitis mayores de 16 años que contaban con expediente clínico completo de modo que pudiese obtenerse la información epidemiológica general y la relacionada con los

factores de riesgo como antecedentes gincoobstétricos (método anticonceptivo, número de parejas sexuales, etc.) y enfermedades previas.

8.6. Criterios de eliminación

Se eliminarán los cultivos pertenecientes a pacientes con expedientes incompletos que no permitan obtener la información sociodemográfica necesaria o aquellas que presenten muestras contaminadas por otros microorganismos de las cuales no se puedan recuperar las levaduras.

8.7. Criterios de exclusión

Se excluirán las pacientes con tratamiento inmunosupresor (tratamientos antifímicos, quimioterapia, antibioticoterapia prolongada, alquilantes, antiretrovirales, metotrexato, etc.)

8.8. Variables

- 8.8.1 Variable independiente: especie de levadura.
- 8.8.2 Variable dependiente: patrón de resistencia antifúngica.
- 8.8.3 Variables universales: género, edad, raza.

8.9. Definición conceptual de las variables

8.9.1. Especies identificados por método cromógenico

Se utilizó el medio Biomerieux chrmID que permite la distinción entre *Candida albicans* y *Candida* no albicans, donde las colonias de *C. albicans* se observan en color azúl y las de *Candida spp* en blanco.

8.9.2. Definidas por secuencias de nucleótidos de las regiones ITS (genotipo):

Para la identificación molecular de organismos patógenos se han usado diferentes secuencias como blanco, entre ellas, genes de ADN mitocondrial y genes que codifiquen para ARN ribosómico. Los genes de ARNr 18s, 5.8s y 28s, son en esencia idénticos en longitud y secuencia en todas las especies. Sin embargo, la longitud de la región ITS (*internal transcribed spacer*, o espaciador interno del transcripto) depende de la especie. La región ITS se localiza entre los genes de ARNr 18s y 28s, y está dividida en la región ITS1 entre los genes 18s y 5.8s; y la región ITS2, entre los genes ARNr 5.8s y 28s. Por esta razón, son secuencias que se utilizan como marcadores moleculares para la identificación de géneros y especies de hongos.¹⁷

8.9.3. Especies Definidas por método/ equipo Vitek

El sistema Vitek 2 es un equipo que identifica y establece el patrón de sensibilidad de diversos microorganismos. La tarjeta YST del sistema Vitek, permite identificar levaduras de importancia clínica y

organismos relacionados a través de 47 pruebas bioquímicas fluorescentes, las cuales incluyen asimilación de carbohidratos y ácidos orgánicos y detección de oxidasas y arilamidasas. Diversos estudios han demostrado que mediante este sistema se puede identificar correctamente más del 93% de las cepas analizadas en aproximadamente 18 horas. Este método se utilizó como verificación, solo en las levaduras que se identificaron por PCR y secuenciación.

8.9.4. Susceptibilidad y resistencia antifúngica

In vitro la susceptibilidad a un antifúngico en particular se define como la falta de crecimiento del microorganismo infectante a una concentración especifica. Para los fines de este estudio, el patógeno es inhibido por una concentración del agente antimicrobiano establecida de acuerdo al método Fungi test de Bio-Rad, éste considera para cada fármaco una concentración alta y otra baja, si el microorganismo crece a baja concentración pero no en la alta del antifúngico se considera medianamente resistente, mientras que si crece en ambos pozos se considera francamente resistente. A continuación se comentan cada uno de los antifúngicos presentes en el fungitest (Figura 4) así como las concentraciones que utiliza:

- Anfotericina B (AB) es un antifúngico de uso parenteral y oral obtenido por fermentación del *Streptomyces nodosus*, un actinomiceto del suelo. La anfotericina B está químicamente emparentada con la nistatina, siendo un antibiótico poliénico. La denominación de esté antibiótico se debe a sus propiedad anfóteras, debidas a la presencia un grupo ácido y de un grupo amino, lo que permite que el producto sea relativamente soluble en agua. ¹⁹ Se considera que una levadura es resistente a la anfotericina en el test de susceptibilidad fungitest de Bio-Rad cuando presenta cambio a rosado con concentraciones de 2 y 8ug/ml.
- **Miconazol** es un antifúngico imidazólico. Inicialmente desarrollado para sustituir a la anfotericina B como un agente antifúngico parenteral. pronto se descubrió, que no sólo no ofrecía la misma eficacia que la anfotericina B, pero también poseía toxicidades intrínsecas después de la administración IV. Sin embargo el miconazol se utiliza por vía tópica y por vía vaginal para las infecciones por hongos. Miconazol proporciona un alivio de los síntomas de la candidiasis vaginal, infecciones de tiña o candidiasis cutánea en unos 2-3 días. La resolución completa de estas condiciones por lo general ocurre dentro de 1-4 semanas de tratamiento con miconazol. Encontrando resistencia a la misma en el test de suceptibilidad Bio-Rad cuando presenta cambio a rosado con concentraciones de 0.5 y 8ug/ml.

- **Ketoconazol** fármaco antifúngico de la familia de los imidazoles, activo por vía oral. Dentro del grupo de los imidazoles, entre los que se encuentran el clotrimazol, fluconazol, itraconazol e imidazol, el ketoconazol tiene la propiedad de inhibir la síntesis de los corticoides adrenales, si bien en dosis superiores a las que tienen actividad antifúngica. ¹⁹ Encontrando resistencia a la misma en el test de suceptibilidad Bio-Rad cuando presenta cambio a rosado con concentraciones de 0.5 y 4 ug/ml.
- Itraconazol antifúngico triazólico sintético, químicamente emparentado con el ketoconazol pero con menos efectos adversos. El itraconazol es activo frente a los mismos hongos que el ketoconazol y fluconazol, pero es más activo que estos frente a los *Aspergillus spp*. En general, se utiliza por vía oral, pero también existe una formulación parenteral que se utiliza en el tratamiento de las dermatitis, onicomicosis y aspergilosis que no responden a la anfotericina B.¹² Encontrando resistencia a la misma en el test de suceptibilidad Bio-Rad cuando presenta cambio a rosado con concentraciones de 0.5 y 4ug/ml.
- Fluconazol antifúngico sintético de la familia de los imidazoles, que se puede administrar por vía oral e intravenosa. Su espectro de actividad es mayor que el de otros antifúngicos imidazólicos incluyendo el miconazol, el ketoconacol o el clotrimazol. Además, el fluconazol es más resistente al metabolismo hepático de primer paso, es menos lipofílico y se une menos a las proteínas del plasma, por lo

que tiene una mayor biodisponibilidad.¹⁹ Encontrando resistencia a la misma en el test de suceptibilidad Bio-Rad cuando presenta cambio a rosado con concentraciones de 6 y 64 ug/ml.

5 fluorocitosina antifúngico activo por vía oral, con una estructura de pirimidina fluorada, parecida a la fluoruracilo; la flucitosina penetra en las células de los hongos donde es desaminada a fluoruracilo mediante una enzima denominada citosina desaminasa. Las células de los mamíferos son incapaces de producir esta conversión. El fluoruracilo compite con el uracilo interfiriendo con la síntesis de los nucleótidos pirimidínicos e interrumpiendo la síntesis del ADN y de proteínas. flucitosina también puede convertido ser ácido fluorodeoxiuridilico que inhibe la enzimas timidilato sintasa y que también interrumpe la síntesis del ADN.¹⁹ Encontrando resistencia a la misma en el test de suceptibilidad Bio-Rad cuando presenta cambio a rosado con concentraciones de 2 y 32 ug/ml.

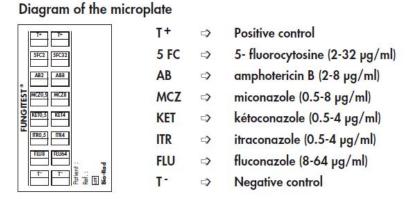


Figura 4. Esquema que representa la distribución de los antifúngicos en los pozos en la prueba de fungitest. (Tomado de la página oficial http://www.techmicrobio.eu/documentation_fabricants/Biorad%20diagnostics%20pasteur/pdf/60780.pdf)

8.10 Manejo de los aislamientos de Candida spp.

Dado que las levaduras del género *Candida* se clasifican como hongos patógenos oportunistas correspondientes a agente biológico del grupo 2, se siguieron las normas generales para laboratorios con nivel de contención 2, así como la NOM-010-STPS-1999.

8.11 Comprobación de las características fenotípicas

Para observar las características de la colonia fúngica todos los aislados se sembraron en agar Sabouraud (Bioxon) con 100mg/ml de cloranfenicol a 25°C durante 5 días. Se observaron las características macroscópicas (textura, color) y microscópicas de los cultivos en fase de levadura, para la observación microscópica se realizaron tinciones con azul de lactofenol, KOH al 10% y negro

de calcofluor. Un pool de las colonias obtenidas en cada plato se cultivó en medio cromogénico para *Candida* de Blomerieux chromID *Candida*, lo que nos permitió diferenciar todos los aislados en *Candida albicans* o *Candida no albicans*.

8.12 Aislamiento y purificación de DNA

Para la extracción de DNA de las muestras fúngicas se utilizó la técnica fenol/cloroformo/alcohol iso-amílico, la cual se estandarizó en el Departamento de Ecología de Agentes Patógenos para *Sporothrix spp.* ²⁰ El ADN extraído se preservará a -20°C hasta su uso posterior.

8.13 Diseño de Iniciadores

Se utilizaron el par de iniciadores universales específicos para hongos denominados ITS1 e ITS4, forward 5'-TCC GTA GGT GAA CCT GCG G-3' y 5´-TCC TCC GAT AT-3 reverso GCT TAT respectivamente. oligonucleótidos fueron verificados en el GenBank utilizando la herramienta BLAST (https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?PAGE_TYPE=BlastSearch), la cuál permite la comparación de los oligos con secuencias de ADN genómico de Candida spp. y hongos cercanos filogenéticamente reportados en esa base de datos. Estos cebadores permiten la amplificación de la región que comprende las subunidades ribosomales 18S (secuencia parcial), 5.8S y 28S (secuencia parcial), así como de las regiones intergénicas ITS-I e ITS-II, poseen temperaturas de alineamiento 62°C y 61°C respectivamente. (Figura 2)

8.14 Amplificación por PCR

Se utilizó el equipo MaxyGene Thermal Cyclers modelo THERM-1000 (www.appliedbiosystems.com), para la amplificación de la región del 18S-ITS1.5.8S-ITS2, se utilizó 4 μL de MgCl₂, con 0.125 U/μL de Taq DNA polimerasa (Promega, Madison, WI).

8.15 Secuenciación

Los productos amplificados del PCR se extrajeron directamente de los geles de agarosa al 1%, con QIAquick gel extraction kit (QIAgen cat 28706) y se secuenciaron los fragmentos de DNA obtenidos, con un secuenciador automático ABI Prism 310 (www.appliedbiosystems.com).

8.16 Alineamiento de las secuencias y análisis filogenético

Las secuencias obtenidas de *Candida spp.*, se procesaron usando el programa BioEdit v7.0.5 (http://www.mbio.ncsu.edu/BioEdit/bioedit.html) para verificar que no existieran errores en el proceso de la secuenciación y para obtener las secuencias consenso, asimismo cada una de las secuencias fue analizada con la herramienta BLAST (http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi) para corroborar su identidad genética. Posteriormente, se realizó el alineamiento múltiple con el software Clustal W v2.0²¹ y se ejecutó ajuste manual usando el programa MEGA v5.²² 23

Para calcular el modelo de evolución se manejó el programa Model test v3.7,²⁴ el mejor modelo para ambos genes resultó ser Tamura-Nei considerando tasas gamma (TrNef+G). Para la reconstrucción filogenética se usaron inferencias bayesianas, el análisis se realizó con el software MrBayes v3.2.²⁵ Los arboles con valores menores a la fase estacionaria (*burnin*) se descartaron del análisis, mientras que aquellos que alcanzaron la fase estacionaria se seleccionaron para la construcción del árbol consenso.²⁷

8.17 Genealogías

Para el análisis de redes haplotípicas se crearon redes de haplotipos "unrooted statistical parsimony" las cuales se generaron utilizando el software Network v5. Estas redes se anidaron de acuerdo a las reglas de "Median-Joining networks", en las cuales el estatus interior se considera un clado/haplotipo y los haplotipos ancestrales tienen prioridad sobre los haplotipos perdidos.²⁸

8.18 Pruebas de susceptibilidad antifúngica

Se utilizó el sistema de determinación de susceptibilidad antifúngica fungi test – BIORAT número de cat. 60780 (Sanofi Diagnostics Pasteur), siguiendo las especificaciones del fabricante, el cual se describió previamente.

8.19 Análisis estadístico

Utilizamos el programa estadístico SPSS v.20.0 para Windows (IBM Corp. Released 2011. IBM SPSS Statistics for Windows, Version 20.0. Armonk, NY: IBM Corp.) Para el análisis descriptivo se aplicaron medidas de tendencia central y de dispersión, así como proporciones. Para el análisis de correlación utilizamos Rho de Spearman y correlación de Pearson de acuerdo al tipo de variable. Consideraremos significancia estadística con p <0.05 y para el objetivo secundario IC.

9. **RESULTADOS**

9.1 Aislamientos y variables epidemiológicas

En el estudio se incluyeron todos los aislamientos identificados en el laboratorio clínico como *Candida spp.* que se hubieran tomado de secreciones vaginales de abril 2015, hasta septiembre 2015. Una vez identificados los aislamientos se buscaron los expedientes correspondientes a las pacientes de las cuales se obtuvieron las muestras, se verificó que la muestra se solicitó por presentar datos clínicos de vulvovaginitis y se tomaron del expediente los datos de identificación, con objeto de llenar la hoja de captura de datos. Los cultivos se transportaron para su caracterización molecular (identificación por PCR), al departamento de Ecología de Agentes Patógenos. Durante el periodo señalado se recolectaron del laboratorio clínico de microbiología 88 exudados vaginales

positivos a diferentes especies de *Candida*, (Figura 5) los cuales corresponden a 79 pacientes.

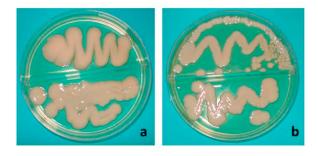
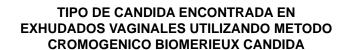


Figura 5. Cultivos en agar Sabouraud correspondientes de acuerdo a la identificación molecular a: **a.** Candida albicans **b**. C. glabrata, indistinguibles en este medio.

De las 88 muestras, 19 no contaron con las condiciones necesarias para crecimiento y estudio de ADN, por lo cual se analizaron 69 exudados, que pertenecen a 61 pacientes, presentando 55 pacientes con un exudado positivo y 7 pacientes contaba con al menos 2 exudados vaginales positivos para levaduras; de estas 4 pacientes presentaron dos (n=2) muestras positivas, una paciente tenía tres (n=3) y solo una paciente contaba con cuatro (n=4) muestras positivas a *Candida spp.* Llama la atención que utilizando los medios cromogénicos se reporta más frecuentemente *Candida spp.;* utilizando la identificación molecular y por vitek en los episodios múltiples, *C. glabrata* es el tipo de *Candida* más frecuente dentro de este grupo, la cual presentó resistencia a antifúngicos que se comenta más adelante.



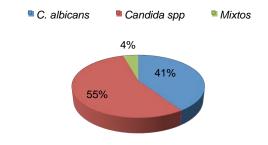


Figura 6. Tipo de Candida encontrada en exudados vaginales identificadas con método cromogénico.

Las pacientes estudiadas presentaron una edad promedio de 32 más menos dos años, con una mediana de edad de 35 años. En cuanto al estado civil, 31 refirieron estar casadas representando el 45% de la muestra, 18 reportaron estar solteras (26%), en unión libre 17 mujeres (25%), divorciadas dos (3%), viudas una (1%). En relación al número de parejas sexuales con una pareja sexual 32 (46%), dos 19 (28%), tres 13 (19%), cuatro 2 (3%), cero 2 (3%), siete 1 (1%). En cuanto al método anticonceptivos utilizado en las pacientes que presentaron *Candida spp.*, encontramos 22 (32%) pacientes con oclusión tubaria bilateral (OTB), nueve (23%) utilizaban método anticonceptivo hormonal, seis (9%) preferían el uso de preservativos, cinco (7%) tenía colocado un dispositivo intrauterino (DIU), mientras que cinco (7%) se había realizado una histerectomía total abdominal (HTA), por último 22 (32%) no usaban ningún método anticonceptivo; observándose con menos frecuencia en las pacientes que utilizan métodos de barrera al comparar con otros métodos (Tabla 1).

Tabla 1. Variables principales del estudio.

Variable	n=61	Porcentaje (%)
Edad, años	32.2 ± 14.9	
Estado civil		
- Casada	31	45
- Soltera	18	26
- Unión libre	17	25
- Divorciada	2	3
- Viuda	1	1
Parejas sexuales		
- 1	32	46
- 2	19	28
- 3	13	19
- 4	2	3
- 0	2	3
- 7	1	1
Método anticonceptivo		
- Ninguno	22	32
- OTB	22	32
- Hormonales	9	23
- Preservativos	6	9
- DIU	5	7
- HTA	5	7
Candida reportada por cultivo en	9	•
medio de Blomerieux chromID		
- C. albicans	28	41
- C. ssp	38	55
- Mixtos	3	4
Presencia de agente agregado	25	31
- VPH	4	5
- Klebsiella spp.	2	2
- Escherichia coli	2	2
- Ureoplasma spp.	16	20
- Gardenella spp.	4	5
- Molusco	2	2
- Enterococo fecalis	1	1
- Streptococcus agalactie	1	1
Condiciones agregadas	ī	ı
- Embarazo	24	36
- DM2	18	27
	3	4
- Miomatosis uterina		
 LIEBG (Lesión intra epitelial de bajo grado) 	3	4
- Patología cervical	4	6
- Sangrado uterino	4	6
anormal		

Aplicamos t de student para muestras independientes para analizar la edad y el número de parejas sexuales con los episodios únicos y los de repetición encontrando una media de edad de 34 años en los episodios únicos y de 42 en los episodios de repetición, así como una media de 1 pareja sexual en episodios únicos y de repetición. Al realizar una prueba de varianza unidireccional obtenemos una significancia de la razón F con un valor de P de 0.809 en la edad y de 0.002 en el número de parejas sexuales, lo que indica asociación con significancia estadística entre el número de parejas sexuales y los episodios de repetición. Al calcular la desviación típica de las muestras encontramos que la edad presenta valores dispersos de acuerdo a la media y el número de parejas sexuales se encuentra próximo a la misma (Tabla 2).

Tabla 2. Prueba de muestras independientes. T de student y varianza unidireccional.

Variables	Número de episodios	Media	Sig. F	GL	Desviación típica
Edad	Único	34	0.809	67	11.5
	Múltiple	42		7.8	10.10
Parejas	Único	1.44	0.002	67	0.643
sexuales	Múltiple	1.14		10.4	0.378

Sig. F = Significancia de razón F, GL = grados de libertad de razón F.

Encontramos que el número de parejas sexuales se asocia con los episodios de repetición con una p= 0.002. Lo que coincide con la literatura ya que

se reporta asociación con la promiscuidad y en especial con algunas prácticas sexuales como el sexo oral y anal.²⁹

Se aplica prueba de chi cuadrada de Pearson al método de planificación familiar, estado civil, condición asociada al episodio de *Candida* y tipo de *Candida* aislada comparando cada una de ellas con episodios únicos y episodios múltiples, encontrando significancia en todos los grupos de variables, por lo cual se realizó conteo de cada una de ellas comparándolas con episodios únicos o múltiples, para encontrar la asociación significativa.

En cuanto a los métodos de planificación familiar encontramos que tanto los episodios únicos como los múltiples se presentan con mayor frecuencia en pacientes con oclusión tubaria bilateral (OTB) y pacientes que no cuentan con método de planificación familiar (Figura 7 y tabla 3).

MÉTODO DE PLANIFICACIÓN FAMILIAR

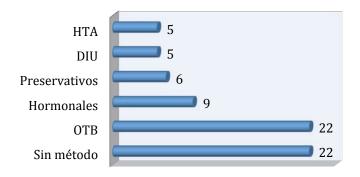


Figura 7. Tipo de método de planificación familiar encontrado en pacientes con exudados vaginales identificadas con método cromogénico positivos a especies de *Candida;* (OTB= Oclusión Tubaria bilateral; HTA= histerectomía total abdominal; DIU dispositivo intrauterino)

Tabla 3. Método de planificación familiar, número de pacientes con episodios de vulvovaginitis único vs múltiple.

Método de	Tipo de episodio			
planificación	Único	Múltiple		
familiar				
OTB	20	2		
Sin método	20	2		
Hormonales	8	1		
Preservativo	5	1		
DIU	4	1		
HTA	5	0		

OTB= Oclusión tubaria bilateral; DIU = dispositivo intrauterino; HTA = histerectomía total abdominal

En cuanto al estado civil los episodios únicos se presenta más en pacientes casadas, en las pacientes con unión libre se presentan con más frecuencia los cuadros de repetición (Tabla 4).

Tabla 4. Estado civil, conteo por episodios

Estado civil	Tipo de episodio				
	Único	Múltiple			
Casada	30	1			
Soltera	16	1			
Unión libre	14	4			
Divorciada	2	0			
Viuda	0	1			

Los episodios únicos se presentan comúnmente en pacientes con diabetes mellitus tipo 2, los episodios de repetición se presentaron más comúnmente en embarazadas. Lo cual se relaciona con lo ya comentado en la literatura ya que las infecciones vulvovaginales por microorganismos del género *Candida* cuentan con factores desencadenantes o coadyuvantes como diabetes mellitus mal controlada, ³⁰ dietas ricas en azúcares; ³¹ así como también se reportó la relación con estados hiperestrogénicos como el embarazo, sobre todo a partir del tercer trimestre, ³² y la toma de ACO con altas dosis de estrógenos (Tabla 7). ³³

Tabla 5. Condición asociada, conteo por episodios

Condición	Tipo de episodio				
asociada	Único	Múltiple			
Embarazo	22	2			
DM2	15	3			
Pat.	4	0			
Cervical					
SUA	3	1			
Pat.	2	0			
Mamaria					
Sin	9	1			
condición					
agregada					

DM2 = diabetes mellitus 2; Pat. Cervical = patología cervical; SUA = sangrado uterino anormal; Pat. Mamaria = Patología mamaria

CONDICION AGREGADA

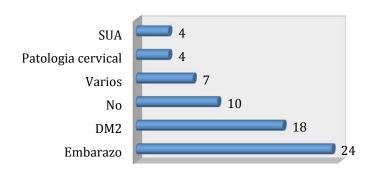


Figura 8. Grafica de la condición asociada en pacientes con exudado vaginal positivo a especies del género Canida

Tabla 6. Tipo de *Candida* asociada, identificada con medio cromogénico de Blomerieux chromID; conteo por episodios.

Tipo de	Tipo de episodio			
Candida	Único	Múltiple		
asociada		-		
C. albicans	28	0		
C. no albicans	34	7		

De las 7 pacientes que presentan vulvo-vaginitis de repetición 15 cultivos con medio cromogénico reportaron *Candida spp.* y dos se reportaron como *Candida glabrata* (en estos casos se usó Chomoagar), de todos los cultivos obtenidos en los cuadros de repetición se realiza examen molecular, encontrándose en catorce (14) casos los *Candida glabrata* y uno *C. krusei.* Tabla 7

En cuanto a agentes agregados en los cultivos vaginales se presentaron 45 (65%) sin agentes agregados y 24 (34%) con los siguientes microorganismos, siendo el más prevalente *Ureaplasma* en 20%(n=16), seguido por *Gardenella vaginalis y VPH* en 5% (n=4), así como otros encontrados con menor frecuencia: *Escherichia Coli, Molusco contagioso, Klebsiella spp, Enterococcus Fecalis, Streptococcus Agalactie.* El tipo de *Candida* reportado en los 69 cultivos *C. albicans* en 29 (42%), *Candida spp.* 39 (57%) y *C. glabrata* 1(1%). La literatura reporta que es frecuente la asociación de vulvovaginitis candidiásicas de repetición y otras infecciones entre las que se reportan tricomonas, vaginosis principalmente. ³⁴

Tabla 7. Asociación entre el tipo de *Candida* reportada por cultivo y su evaluación molecular final.

NUMERO DE CASO ASIGNADO	EPISODIOS DE REPETICIÓN	TIPO DE CANDIDA REPORTADA POR METODO CROMOGENIC	REPORTE MOLECULAR
1	4	Candida spp. Candida spp. Candida glabrata Candida glabrata	Candida glabrata Candida glabrata Candida glabrata Candida glabrata
2	2	Candida spp. Candida spp.	Candida glabrata Candida glabrata
3	2	Candida spp. Candida spp.	Candida glabrata Candida glabrata
4	2	Candida spp. Candida spp.	Candida glabrata Candida krusei
5	2	Candida spp. Candida spp.	Candida glabrata Candida glabrata
6	3	Candida spp. Candida spp. Candida spp.	Candida glabrata Candida glabrata Candida glabrata más co-infección por C. albicans
7	2	Candida spp. C. albicans	Candida glabrata más co-infección por C. albicans

AGENTE AGREGADO A LA INFECCIÓN

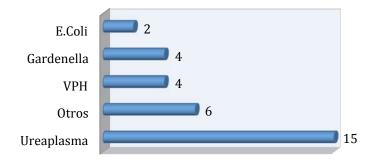


Figura 9. Grafica de agentes vaginales agregados a la infección por Canida

9.2 Análisis filogenético y genealogías

Para el análisis filogenético se incluyeron 24 aislamientos y 17 secuencias de referencia obtenidas del GenBank Database (Figura 6), los aislados provenían de 14 pacientes, dado que 17 muestras (tabla 9) provienen de 7 pacientes quienes presentaron vulvovaginitis de repetición. En el episodio 2 del caso 7 el cultivo obtenido presentó crecimiento de dos colonias diferentes en el medio cromogénico (se observaron tanto colonias blancas como azules), estas se resembraron y procesaron de forma independiente (cultivo 7 y 7b), con el análisis molecular se confirmó la presencia de dos especies de Candida, C. albicans y C. glabrata por tanto la paciente en cuestión presento co-infección. En total se identificaron con la región ITS diez (41.66%) aislamientos correspondientes a *C. albicans*, doce (50%) se identificaron como C. glabrata, uno como C. utilitis (4.16%) y otro como C. krusei (4.16%), en general los aislados de C. albicans y C. utilitis provenían de pacientes con único episodio de vulvovaginitis (salvo el aislado en coinfección con C. glabrata), mientras que los aislados reportados como C. glabrata y C. krusei se obtuvieron de pacientes con vulvovaginitis de repetición (Figura 10 Y 11).

IDENTIFICACION MOLECULAR

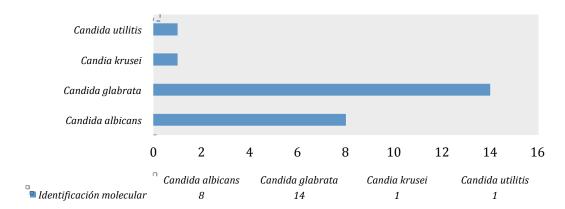


Figura 10. Grafica de reporte molecular de especies de Canida

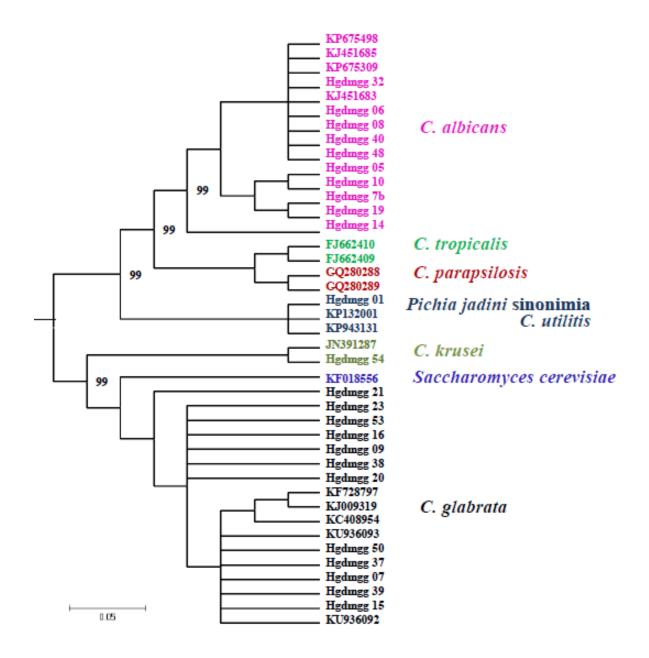


Figura 11. Árbol filogenético realizado con la región que comprende los genes ribosomales (18S secuencia parcial, 5.8S y 28S secuencia parcial) y las regiones intergénicas ITS1 y ITS2. Las secuencias señaladas como Hgdmgg representan los aislamientos obtenidos en el hospital, las secuencias de referencia esta señaladas por su número de ascenso al GenBank Data Base.

Por otra parte en el árbol de redes haplotípicas realizado para *C. albicans*, que incluyo más de 100 secuencias de referencias, reveló un único haplotipo que agrupa la mayoría de las secuencias de referencia, así como los aislados mexicanos mientras que se observan escasas secuencias en la periferia de este centro de dispersión, lo que refleja mínima (casi nula) variabilidad genética al menos para esta región. En árbol de redes para *C. glabrata* igualmente se observa poca variabilidad y se evidencia como los aislados presentes en humanos no se diferencian de los obtenidos de otras fuentes animales, vegetales o del medio ambiente (Figura 12). La escasa variabilidad en ambas especies probablemente está relacionada con la reproducción asexual (por división binaria).

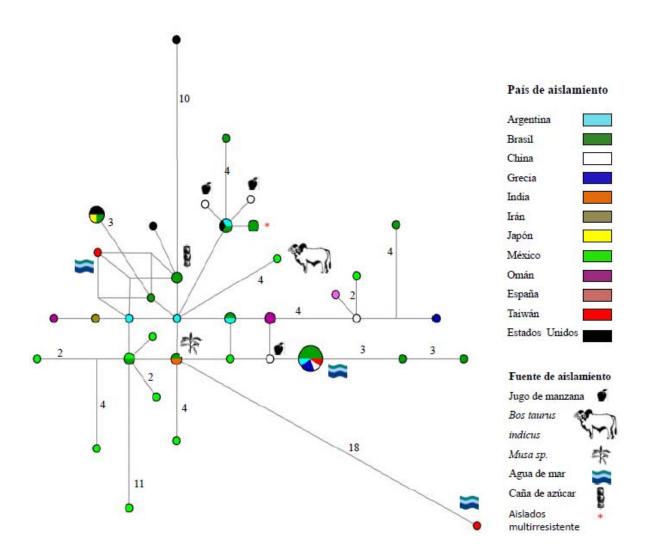


Figura 12. Árbol de redes haplotípicas realizado con los aislados mexicanos de *C. glabrata* y secuencias de referencia obtenidas del GenBank Data Base. Los colores representan el país de origen, las figura representan la fuente de aislamientos en los casos que se reportaron. En relación a los aislamientos mexicanos todos provienen de humanos (pacientes con vulvovaginitis).

Por último en los aislamientos identificados por métodos moleculares se realizó determinación de susceptibilidad antifúngica por el método comercial colorimétrico, Fungitest (Tabla 2). En general los aislados de *C. albicans* muestra

buena respuesta a los antifúngicos, solo 2 aislados se reportaron resistente a bajas concentración de Itraconazol, mientras que 2 aislados de *C. glabrata*, así como uno de *C. utilitis* y otro de *C. krusei* mostraron resistencia con concentraciones de miconazol e itraconazol de 0.5 ug/ml. *C. utilitis* y una muestra de *C. glabrata* mostraron resistencia a miconazol a 5 ug/ml; mientras que *C. krusei* presentó resistencia a las dosis bajas de itraconazol, miconazol y fluconazol. Otros aislados de *C. glabrata* presentaron patrones de resistencia combinados que incluían en dos casos resistencia al ketoconazol y en un único caso resistencia a la anfotericina a dosis bajas (tabla 8).

Si relacionamos esta información con los datos moleculares, la evidencia sugiere la preferencia de plásmidos de resistencia a antifímicos.

Tabla 8. Aislamientos susceptibilidad antifúngica.

Identificació	n de especie		Antifún	gicos e	studia	dos, can	tidades	señala	das exp	resan c	oncenti	ración e	n ug/ml	
Cultivo	Molecular	5FC 2	5FC 32	AB 2	AB 8	MCZ .5	MCZ 8	KET .5	KET 4	ITR .5	ITR 4	FLU 8	FLU 64	Rep
Candida spp.	C. utilitis	S	S	S	S	R	S	S	S	R	S	S	S	No
C. albicans	C. albicans	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	No
C. albicans	C. albicans	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	No
C. albicans	C. albicans	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	No
Candida spp.	C. albicans	S	S	S	S	S	S	S	S	R	S	S	S	No
Candida spp.	C. glabrata	S	S	S	S	S	S	S	S	R	S	S	S	No
Candida spp.	C. glabrata	S	S	S	S	R	S	S	S	R	S	S	S	No
C. albicans	C. albicans	S	S	S	S	S	S	S	S	R	S	S	S	No
C. albicans	C. albicans	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	No
C. albicans	C. albicans	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	No
C. albicans	C. albicans	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	No
C. albicans	C. glabrata	s	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	No
Candida spp.	C. kruseii	S	S	S	S	R	S	S	S	R	S	R	S	No
Candida spp.	C. glabrata	S	S	R	S	S	S	R	S	R	S	S	S	Si
Candida spp.	C. glabrata	S	S	S	S	R	S	R	S	R	S	S	S	No
Candida spp.	C. glabrata	S	S	S	S	S	S	S	S	R	S	S	S	Si
Candida spp.	C. glabrata	S	S	S	S	S	S	S	S	R	S	S	S	Si
Candida spp.	C. glabrata	S	S	S	S	S	S	S	S	R	S	S	S	No
Candida spp.	C. glabrata	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	Si
Candida spp.	C. glabrata	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	No

5FC: 5-fluorocitocina; AB: anfotericina B; MCZ: miconazol; KET: ketoconazol; ITR: itraconazol; FLU: fluconazol; REP: Repetición

DISCUSION

La diferenciación entre *C. albicans* y las *Candida no albicans*, no es posible utilizando simplemente las características macro y microscópicas de los cultivos, sino que requiere de pruebas bioquímicas o de medios especiales que permitan identificar características especiales como el dimorfismo o la formación de blastoesporas. Para facilitar su rápida identificación en los laboratorios clínicos, se diseñaron métodos especiales como el medio CHROMagar, mencionado previamente. Sin embargo estos métodos no identifican todas las especies de *Candida no albicans*, por lo cual es importante considerar métodos altamente sensibles y específicos como la identificación molecular.

El pH vaginal es casi siempre normal en las vaginitis por *Candida* y un pH elevado sugiere un diagnóstico alternativo con vaginitis mixtas. La destrucción del balance microecológico puede causar inmunosupresión local y disbacteriosis vaginal lo que contribuye a presentar episodios de vaginitis de repetición o a coinfecciones con otros microorganismos, igualmente algunas drogas antifúngicas causan la destrucción de la flora vaginal normal, el daño secundario es difícil de diagnosticar a corto plazo, por lo que al aplicar drogas antifúngicas debemos agregar probióticos en episodios de vaginitis por *Candida* de repetición.

Las infecciones por *Candida albicans* son comúnmente tratadas con drogas antifúngicas, las cuales inhiben la biosíntesis de ergosterol. *C. albicans* puede desarrollar resistencia a las drogas antifúngicas (azoles) por varios mecanismos, incluyendo:

- Las mutaciones enzimáticas codificadas por ERG11
- La sobre expresión de ERG11
- La sobre expresión del flujo que codifica las multidrogas,

Todas estas son causas frecuentes de resistencia clínica a C. albicans 35.

CONCLUSIONES

La infección por *Candida* es una enfermedad frecuente del aparato genital inferior de mujeres. Entre las especies de *Candida*, *C. albicans* es la causa más frecuente de infecciones del aparato genital, pero las infecciones por especies distintas de *C. albicans* están aumentando. Estos resultados se han explicado por la resistencia a los tratamientos antimicóticos comunes con azoles o al uso de fármacos no eficaces frente a las especies distintas de *C. albicans*, por lo cual se recomienda realizar estudios de extensión en pacientes que presentan vaginitis de repetición ya que puede tratarse de especies de *Candida* diferentes a *C. albicas* resistentes a los tratamientos comunes, que pueden ser la causa de las vaginitis

de repetición en pacientes con los factores de riesgo ya mencionados previamente. ³⁶

Filogenia molecular y resistencia	antifúngica de especies	de Candida aisladas	de pacientes	con vulvo-vaginitis con
	atención especial en la	os casos de repetició	in	

Tabla suplementaria: datos de las secuencias tomadas del GenBank data base, que se utilizaron en el análisis filogenético y en los análisis de genética de poblaciones.

Numero de ascenso al GenBank	especie	País de origen	Aislado de	Número de referencia original del aislado	Referencia.
AB467296	C. glabrata	Taiwan	Alga marina	NT1109	24
AB467297	C. glabrata	Taiwan	Alga marina	NT0506	24
AB469380	C. glabrata	Taiwan	Alga marina	NT0508	24
AB861483	C. glabrata	Brazil	Homo sapiens	Cg367	24
DQ242637	C. glabrata	Spain	homo sapiens	cg1	37
EF190223	C. tropicalis	China	Alga marina	WC65-1	38
EF194844	Cyberlindnera saturnus	China	Alga marina	WC91-2	39
EU568909	Cyberlindnera jadinii	France	homo sapiens	CBS 621	40
EU568927	Cyberlindnera jadinii	France	Homo sapiens	CNRMA 200500811	31
FJ619278	C. albicans	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZA003	41
FJ662389	C. albicans	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZA032	32
FJ662390	C. albicans	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZA049	32
FJ662391	C. albicans	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZA005	32
FJ662392	C. albicans	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZA054	32
FJ662393	C. albicans	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZA004	32
FJ662394	C. albicans	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZA022	32
FJ662395	C. albicans	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZA048	32
FJ662396	C. albicans	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZA047	32
FJ662397	C. albicans	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZA013	32
FJ662398	C. albicans	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZA006	32
FJ662401	C. albicans	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZA026	32
FJ662402	C. albicans	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZA040	32
FJ662403	C. albicans	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZA025	32
FJ662404	C. albicans	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZA011	32
FJ662405	C. albicans	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZA010	32
FJ662406	C. albicans	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZA046	32

FJ662407	C. albicans	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZA008	32
FJ662408	Pichia guilliermondii	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZA043	32
FJ662409	C. tropicalis	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZA029	32
FJ662410	C. tropicalis	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZA038	32
FJ662411	C. parapsilosis	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZA007	32
FJ662412	C. parapsilosis	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZA012	32
FJ662413	C. parapsilosis	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZA031	32
FJ662414	C. parapsilosis	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZA033	32
FJ662415	C. parapsilosis	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZA036	32
FJ662416	C. parapsilosis	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZA039	32
FJ662417	C. parapsilosis	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZA044	32
FJ662418	Candida ethanolica	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZA037	32
FJ697166	C. tropicalis	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZA001	32
FJ697167	C. albicans	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZA002	32
FJ697169	C. albicans	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZA041	32
FJ697170	C. parapsilosis	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZA015"	32
FJ697171	Pichia kudriavzevii	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZA020	32
FJ697172	C. glabrata	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZB066	32
FJ865435	Cyberlindnera jadinii (Pichia jadinii)	Argentina	Aguas contaminadas con tinte textil	M9	42
FN428886	C. glabrata	Brazil. Rio de Janeiro, Seropedica	Hojas de caña de azucar	IMUFRJ 51973	43
GQ280287	Pichia guilliermondii	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZA016	32
GQ280288	C. parapsilosis	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZA017	32
GQ280289	C. parapsilosis	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZA018	32
GQ280290	Candida metapsilosis	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZA019	32
GQ376081	C. glabrata	Greece	Secreciones bronquiales	UOA/HCPF 10207A	44
GQ376082	C. glabrata	Greece	Especimen orofaringeo	UOA/HCPF 0507	33
HM461654	Cyberlindnera suaveolens	Taiwan	Materiales organicos	BCRC 22227	33
HQ014728	C. glabrata	Oman, Muscat	Homo sapiens	WM10.109	33
HQ014730	C. glabrata	Oman, Muscat	Homo sapiens	WM10.111	33

HQ014735	C. glabrata	Oman, Muscat	Homo sapiens	WM10.115	33
JN093145	C. glabrata	Dargakona, India	Musa sp. cultivar Sapri colla	AUS-LFB-MA- YC4	45
JN391273	C. dublliniensis	Beijing, China	Sangre periferica, Homo sapiens	PUMY001	46
JN391274	C. glabrata	Beijing, China	Frotis vaginal, Homo sapiens	PUMY002	35
JN391275	C. glabrata	Beijing, China	Frotis vaginal, Homo sapiens	PUMY003	35
JN391276	C. glabrata	Beijing, China	Sangre de cateter venoso central, Homo sapiens	PUMY004	35
JN391277	C. glabrata	Beijing, China	Sangre periferica, Homo sapiens	PUMY005	35
JN381278	C. glabrata	Beijing, China	Sangre periferica, Homo sapiens	PUMY006	35
JN381279	C. glabrata	Beijing, China	Chorro medio de orina limpia, Homo sapiens	PUMY007	35
JN391280	C. glabrata	Beijing, China	Fluidos de drenaje abdominal, Homo sapiens	PUMY008	35
JN391281	C. glabrata	Beijing, China	Secrecines, Homo sapiens	PUMY009	35
JN391282	Meyerozyma guilliermondii	Beijing, China	Sangre periferica, Homo sapiens	PUMY012	35
JN391283	Candida intermedia	Beijing, China	Chorro medio de orina limpia, Homo sapiens	PUMY013	35
JN391284	Kluyveromyces marxianus	Beijing, China	Secrecion nasal, Homo sapiens	PUMY014	35
JN391285	Pichia kudriavzevii (Candida krusei)	Beijing, China	Pus abdominal, Homo sapiens	PUMY015	35
JN391286	Pichia kudriavzevii (Candida krusei)	Beijing, China	Chorro medio de orina limpia, Homo sapiens	PUMY016	35
JN391287	Pichia kudriavzevii (Candida krusei)	Beijing, China	Sangre periferica, Homo sapiens	PUMY017	35
JN391288	Candida metapsilosis	Beijing, China	Tejido de piel, Homo sapiens	PUMY018	35
JN391289	Candida nivariensis	Beijing, China	Frotis vaginal, Homo sapiens	PUMY019	35
JN391290	Candida orthopsilosis	Beijing, China	Chorro medio de orina limpia, homo sapiens	PUMY022	35
JN391291	C. parapsilosis	Beijing, China	pus, Homo sapiens	PUMY024	35
JN391292	C. parapsilosis	Beijing, China	Sangre de cateter venoso central, Homo sapiens	PUMY025	35
JN391293	C. parapsilosis	Beijing, China	Sangre periferica, Homo sapiens	PUMY026	35
JN391294	C. parapsilosis	Beijing, China	Punta de cateter venoso central, Homo sapiens	PUMY027	35
JN391295	C. parapsilosis	Beijing, China	Chorro medio de orina limpia, Homo sapiens	PUMY028	35

JN606246	C. albicans	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZA003a	30
JN606247	C. albicans	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZA004a	30
JN606248	C. albicans	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZA008a	30
JN606249	C. albicans	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZA010a	30
JN606250	C. albicans	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZA011a	30
JN606251	Lodderomyces elongisporus	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	Za013a	30
JN606252	C. albicans	China	Homo sapiens, cavidad oral	ZA014a	30
JN606253	C. tropicalis	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZA021	30
JN606254	C. albicans	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZA022a	30
JN606255	C. albicans	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZA023a	30
JN606256	C. albicans	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZA024a	30
JN606257	C. albicans	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZA025a	30
JN606258	C. albicans	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZA026a	30
JN606259	C. tropicalis	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZA030	30
JN606260	C. albicans	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZA032a	30
JN606261	C. albicans	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZA034	30
JN606262	C. albicans	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZA040a	30
JN606263	C. albicans	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZA041a	30
JN606264	Meyerozyma guilliermondii (Pichia guilliermondii)	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZA045	30
JN606265	C. albicans	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZA046a	30
JN606266	C. albicans	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZA049a	30
JN606267	C. albicans	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZA051	30
JN606268	C. albicans	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZA054a	30
JN606269	C. albicans	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZA057a	30
JN606270	C. albicans	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZB001a	30
JN606271	C. albicans	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZB002	30
JN606272	C. albicans	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZB005	30
JN606273	C. albicans	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZB006a	30
JN606274	C. albicans	China	Opacidad oral y dental, Homo sapiens	ZB008a	30

JN606275	C. albicans	China	Mucosa gástrica, Homo sapiens	ZB009a	30
JN606276	C. albicans	China	Mucosa gástrica, Homo sapiens	ZB011a	30
KF746415	C. albicans	Brazil	Homo sapiens, cavidad oral	LMICRO502	47
KF746425	C. albicans	Brazil	Homo sapiens, cavidad oral		36
KJ739863	C. albicans	United Kingdom	homo sapiens	VPSA1	48
KP674535	C. albicans	China	Homo sapiens, cavidad oral	B280A	30
KP674545	C. albicans	China	Homo sapiens, cavidad oral	d8a	30
KP674664	C. albicans	China	Homo sapiens, cavidad oral	D135B	30
KP674768	C. albicans	China	Homo sapiens, cavidad oral	h69b	30
KP675051	C. albicans	China	Homo sapiens, cavidad oral	H316B	30
KP675096	C. albicans	China	Homo sapiens, cavidad oral	H346A	30
KP675135	C. albicans	China	Homo sapiens, cavidad oral	H372A	30
KP675304	C. albicans	China	Homo sapiens, cavidad oral	M115A	30
KP675319	C. albicans	China	Homo sapiens cavidad oral	M134B	30
KP675322	C. albicans	China	Homo sapiens, cavidad oral	M144A	30
KP675420	C. albicans	China	Homo sapiens, cavidad oral	M242A	30
KP675421	C. albicans	China	Homo sapiens, cavidad oral	B280A	30
KP675505	C. albicans	China	Homo sapiens, cavidad oral	M304b	30
KP675506	C. albicans	China	Homo sapiens, cavidad oral	M305A	30
KP675541	C. albicans	China	Homo sapiens, cavidad oral	M324B	30

REFERENCIAS BIBLIOGRAFICAS.

¹ Akimot L., Rodrigues H., Gimenes F., et al. Prevalence of *Candida albicans* and *non-albicans* isolates from vaginal secretions: comparative evaluation of colonization, vaginal candidiasis and recurrent vaginal candidiasis in diabetic and non-diabetic women. Sao Paulo Med J. 2014;132(2):116-20.

- ² Buitrón R., Romero R., Bonifaz A. Estudio de especies *Candida no albicans* y su relación con candidiasis vulvovaginal recurrente. Ginecol Obstet Mex. 2002;70:431-436.
- ³ Loulergue P., Mahe V., Bougnoux M. et al. Fournier's gangrene due to *Candida glabrata*. Med Myc. 2008, 46, 171-173.
- ⁴ Buitrón R., Araiza-Santibáñez J., Basurto-Kuba E., et al. *Candida glabrata*: un oportunista emergente en vulvovaginitis. Cir Ciruj. 2009;77:455-460.
- ⁵ García B., Araiza J., Basurto E., et al. *Candida glabrata*: un oportunista emergente en vulvovaginitis. Cir Ciruj. 2009;77:455-460.
- ⁶ Miceli M., Diaz J., Lee S. Emerging opportunistic yeast infections. Lancet Infect Dis. 2011;11:142-51.
- ⁷ Dujon B., Sherman D., Fischer G., et al. Genome evolution in yeast. Nature. 2004;430:35-44.
- ⁸ Bialkova A., Subik J. Biology of the pathogenic yeast *Candida glabrata*. Folia Microbiol. 2006;51(1):3-20.
- ⁹ Fidel P. *Candida glabrata*: An Important fungal pathogen for the 21st century. Clin Microbiol New. 2001;23(22):171-176.
- Mendling W, Koldovsky U. Immunological investigation in vaginal mycoses. Mycoses. 1996;39:177-183.

- Solis M., Moreno M., Dávalos M. Colonización vaginal por Candida spp. Frecuencia y descripción de las especies aisladas en mujeres asintomáticas; Ginecol Obstet Mex. 2014;82:1-8.
- Foxman B., Muraglia R., Dietz JP. Prevalence of recurrent vulvovaginal Candidiasis in European Contries and the United States: result from an internat panel survey. Am Soc Patho. 2013;117:340-345.
- ¹³ Van Tienderen P., Haan A., Linden G. Biodiversity assessment using markers for ecologically important traits. TREDS Ecol Evol. 2001;17(12):577-582.
- ¹⁴ Mas-Coma S., Bargues M. Populations, hybrids and the systematic concepts of species and subspecies in Chagas disease triatomine vector inferred from nuclear ribosomal and mitochondrial DNA. Acta Trop. 2009;110(3):112-.36.
- Schneider S., Morschhauser J., Induction of *Candida albicans* drug resistance genes by hibrid zinc cluster transcription factors. AAC. 2015; 59(1): 558-569.
- Hernández JA, Vázquez A, Olguín C, et al; Prevalencia de vaginitis mixta en mujeres latinoamericanas según la percepción de los médicos. Preferencia, efectividad e inocuidad de clindamicina más ketoconazol; Ginecol Obstet Mex. 2008;76(11):652-8.
- ¹⁷ Tamura K., Battistuzzi FU., Billing P. Estimating divergence times in large molecular phylogenies. PNAS. 2012;109:19333-19338.
- Ochiuzzia M., Cataldib S., Guelfand L. Evaluación del sistema Vitek 2 para la identificación de las principales especies de levaduras del género Candida, Rev Argent Microbiol. 2014;46:107-110.
- MCGRAW-HILL/INTERAMERICANA DE MEXICO, 2004; Vademecum Académico de México.
- ²⁰ Rangel L., Martinez F., Maravilla P. Update of phylogenetic and genetic diversity of *Sporothrix schenckii sensu lato*. Med Myc. 2015;00:1-8.
- ²¹ Thompson JD., Higgns DG., Gibson TJ., CLUSTAL W: improving the sensitivity and progressive multiple sequence alignment through sequence weighting

- positions-specific gap penalties and weight matrix choice. *Nucleis Acids Res.* 1994;22:4673-4680.
- ²² Kimura M. A simple model for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *J Mol Evol.* 1980;16:111-120.
- ²³ Kumar S, Tamura K, Nei M. MEGA3: integrated software for molecular evolutionary genetic analysis and sequence alignment. *Brief Bioinform*. 2004;5:150-163.
- ²⁴ Posada D and Crandall A. Modeltest: Testing the model of DNA substitution.
 Bioinformatics. 1998;14:817-818.
- ²⁵ Huelsenbeck J., Ronquist F. MrBayes: Bayesian inference of phylogeny. *Bioinformatics*. 2001;17:754-755.
- ²⁶ Ronquist F, Huelsenbeck P. MrBayes 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models. *Bioinformatics*. 2003;19:1572-1574.
- ²⁷ Martínez F., Jimenez D., Chenillo P., et al. Geographical widespread of two lineages of *Taenia solium* due to human migrations: Can population genetic analysis strengthen this hypotesis?. *Inf Genet Evolut*. 2009;9:1108-1114.
- ²⁸ Castelloe J, Templenton AR, Root probabilities for intraspecific gene trees under neutral coalescent theory. Mol Phylogenet Evol. 1994;3:102-113.
- ²⁹ Hellberg D., Zdolsek B., Nilsson S., et al. Sexual behavior of women with repeated episodes of vulvovaginal candiasis. Eur J Epidemiol. 1995;11:575-9.
- ³⁰ De León EM., Jacober SJ., Sobel JD., et al. Prevalence and risk factors for vaginal candida colonization in women with type 1 and type 2 diabetes. BMJ Infect Dis. 2002;2:1-4.

- ³¹ Donders GG., Prenen H., Verveke G., et al. Impaired tolerance for glucose in women with recurrent vaginal candidosis. Am J Obstet Gynecol. 2002;187:989-93.
- ³² Ferrer J. Vaginal candidosis: epidemiologic and etiological factors. Int J Gynecol Obstet. 2000;71 Suppl 1:21-7.
- ³³ Goplerud C., Ohm M., Galask R. Aerobic and anaerobic flora of the cervix during pregnancy and the puerperium. Am J Obstet Gynecol. 1976;126:858-68.
- Ramírez A., Pereiro Jr., Toribio J. Vulvovaginitis de repetición. Valoración diagnóstica y manejo terapéutico Actas Dermosifiliogr. 2008;99:190-8.
- ³⁵ Schneider S., Morschhauser J., Induction of *Candida albicans* drug resistance genes by hibrid zinc cluster transcription factors. AAC 2015; 59(1): 558-569.
- Yue X., Chen P., Tang Y., et al. The dynamic changes of vaginal microecosystem in patients with recurrent vulvovaginal candidiasis: a retrospective study of 800 patients, Arch Gynecol Obstet (2015) 292:1285– 1294.
- ³⁷ Rezusta A., Theelen B., Boekhout T. Lipophilic *Candida glabrata* isolated from candiduria. Unpublished. Submitted (13-OCT-2005) Microbiologia, Hospital Villanova, Zaragoza, Spain.
- Wang W. and Chi Z. Research on diversity of marine yeasts. Submitted (16-DEC-2006) College of Marine Life, Ocean University of China, 5 Yushan Road, Qingdao, Shandong 266003, PR China.
- Guo N. and Chi Z. Research on diversity of marine yeasts. Submitted (21-DEC-2006) College of Marine Life, Ocean University of China, Yushan Road No.
 Qingdao, Shandong 266003, PR China.
- ⁴⁰ Desnos M., Ragon M., Robert V., et al. Debaryomyces hansenii (Candida famata), a rare human fungal. pathogen often misidentified as *Pichia guilliermondii* (Candida guilliermondii) J. Clin. Microbiol. 2008(10):3237-3242.

- ⁴¹ Gong Y.B., Zheng J.L., Jin B., et al. Particular *Candida albicans* strains in the digestive tract of dyspeptic patients, identified by multilocus sequence typing PLoS ONE 2012;E35311,7(4).
- ⁴² Fernandez P.M., Cabral M.E., Delgado O.D., et al. Textile-dye polluted waters as a source for selecting chromate-reducing yeasts through Cr(VI)-enriched microcosms. Biodegradation 79;2013:28-35.
- ⁴³ Ribeiro, J. Yeast diversity and ecophysiology in an organic managed sugar cane field; Thesis Soil Science, Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro, Seropedica, BRAZIL. 2009 Unpublished.
- ⁴⁴ Meyer,W., Serena,C., Chen,S., et al. Sequence based fungal identification, databases, intra-species variation and molecular cut-off points Unpublished
- Alka,M. and Sharma,G.D. Submitted (04-JUN-2011) Department of Life Science
 Bioinformatics, Assam University, Silchar-788011, India, Dargakona,
 Silchar, Assam 788011, India Direct submission.
- ⁴⁶ Zhao Y., Xiao M., Kong F., et al. Non-Candida albicans yeast infections in a tertiary hospital in Beijing, China: a one-year survey Unpublished.
- ⁴⁷ Barbieri D.S.V., Herkert P.F., Santos G.D., et al. Characterization of Candida spp. isolates from schoolchildren oral microbiota with different backgrounds caries; Unpublished.
- ⁴⁸ Yassin,S.A. and Jakubovics,N.S. Direct Submission Submitted (23-APR-2014) Oral Biology, Newcastle University, Framlington Place, Newcastle upon Tyne, Tyne and Wear NE2 4BW, UK.