

A INFLUÊNCIA GENÉTICA NA CANDIDÍASE VULVOVAGINAL RECORRENTE

V Congresso de Saúde Coletiva e Sociedade da Fundação Cristiano Varella, 5^a edição, de 09/07/2024 a 11/07/2024

ISBN dos Anais: 978-65-5465-104-2

DOI: 10.54265/THLW6385

STOCHERA; Ludmylla¹

RESUMO

Introdução: A candidíase é uma infecção fúngica causada pela *Candida albicans* que cursa com corrimento de característica grumosa e intenso prurido vulvar. A epidemiologia é caracterizada por aproximadamente 75% das mulheres apresentando pelo menos um episódio de candidíase vulvovaginal (CVV) durante a vida e mais ou menos 5-8% das mulheres apresentando episódios de candidíase vulvovaginal de repetição (RVVC). A grande maioria das pacientes com RVVC são mulheres saudáveis e sem fatores de risco. Assim temos a hipótese de que fatores genéticos do hospedeiro podem ser um componente importante que determina a suscetibilidade a RVVC.

Objetivo: Analisar a correlação da influência genética sobre as infecções fúngicas de repetição.

Metodologia: Trata-se de um estudo descritivo, desenvolvido a partir de uma revisão bibliográfica feita com pesquisas nos sites Scielo e Pubmed com palavras-chave retiradas do título deste trabalho, como: candidíase, recorrente e genética. Foram separados e estudados artigos pertinentes ao tema.

Discussão: A vulvovaginite é uma infecção ou inflamação da vulva que pode gerar uma das principais queixas clínicas das pacientes da ginecologia: o corrimento. Essa apresentação clínica tem várias causas, entre elas se destacam as infecciosas e as não infecciosas. A candidíase é uma infecção fúngica causada pela *Candida albicans* (microorganismo que naturalmente coloniza o trato genital feminino, mas que em certas condições do meio - diabetes, uso de antibiótico, roupas íntimas apertadas, entre outros -, gera uma inflamação), sua apresentação clínica cursa com corrimento de característica grumosa, como queijo cottage, aderido às paredes vaginais, sem odor e com intenso prurido vulvar, além de erupção cutânea, ardor, dispareunia e teste das aminas negativo, o pH é ácido e tem pseudo-hifas ao microscópio.

A epidemiologia da candidíase é caracterizada por aproximadamente 75% das mulheres apresentando pelo menos um episódio de candidíase vulvovaginal (CVV) durante a vida e, mais ou menos 5-8% das mulheres apresentando episódios de candidíase vulvovaginal de repetição (RVVC). Além disso, nenhuma cepa distinta de *C. albicans* foi descrita nas pacientes, dando argumentos contra fatores microbiológicos como determinante de CVV ou suscetibilidade a doenças recorrentes . Assim temos a hipótese de que fatores genéticos do hospedeiro podem ser um componente importante que determina a suscetibilidade a RVVC.

Com isso, são buscados padrões nos genes que expliquem essa tendência ao desenvolvimento de CVV. Estudos recentes revelam que pode ser por mutações no gene CARD9. Esse gene é responsável por codificar proteína do grupo CARD, que está relacionada à apoptose celular e ao papel da resposta celular fúngica, emitindo sinais para ativar a defesa contra fungos pela cascata imunológica.

Conclusão: Portanto, como não foram identificadas cepas distintas de *C. albicans* em mulheres com RVVC e as pacientes com esse quadro não apresentam fatores de risco ou predisposições para tal, as mutações no gene CARD9 podem ser uma causa de infecções fúngicas em pacientes sem imunodeficiências conhecidas e que apresentam casos de candidíase vulvovaginal de repetição.

PALAVRAS-CHAVE: : Candidíase, genética, recorrente

¹ UNAERP, ludmylla.stochera@sou.unaerp.edu.br

