

A INFLUENCIA GENÉTICA NA CANDIDÍASE VULVOVAGINAL RECORRENTE

Congresso Multidisciplinar de Psicologia, Envelhecimento e Saúde, 1ª edição, de 14/10/2024 a 15/10/2024

ISBN dos Anais: 978-65-5465-126-4

DOI: 10.54265/PHVW3487

STOCHERA; Ludmylla ¹, PAIVA; Priscila Roncato Paiva ²

RESUMO

Introdução: A candidíase vulvovaginal (CVV) é uma infecção fúngica que cursa com corrimento e prurido vulvar. Cerca de 75% das mulheres apresentam pelo menos um episódio de CVV na vida e 8% apresentam candidíase vulvovaginal de repetição (RVVC). A maioria das pacientes com RVVC não tem fatores de risco para o desenvolvimento dessa patologia. Assim temos a hipótese de que a genética é um componente que determina a suscetibilidade a RVVC. **Objetivo:** Analisar a correlação da influência genética sobre as infecções fúngicas vaginais de repetição. **Metodologia:** Trata-se de um estudo descritivo, desenvolvido a partir de uma revisão bibliográfica pelo Scielo e Pubmed com palavras-chave retiradas do título deste trabalho como: candidíase, genética e recorrente. Foram separados e estudados 05 artigos pertinentes ao tema. **Discussão:** A vulvovaginite é uma infecção ou inflamação da vulva que pode gerar uma das principais queixas clínicas das pacientes do ambulatório 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, gravidez, uso de imunossupressores e de antibióticos e roupas íntimas apertadas, por exemplo - gera uma inflamação), sua apresentação cursa com corrimento grumoso, como queijo cottage, aderido às paredes vaginais, sem odor e com intenso prurido vulvar, além de erupção cutânea, dispareunia e teste das aminas negativo, o pH é ácido e tem pseudo-hifas ao microscópio. A epidemiologia da candidíase é caracterizada por 75% das mulheres apresentando pelo menos um episódio de CVV na vida e 8% tendo RVVC, sendo essa caracterizada pela ocorrência de 3 episódios por ano, com intervalo de dias até 3 meses da finalização de um tratamento de sucesso. 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 RVVC. Estudos recentes revelam que pode ser por mutações no gene CARD9. Esse gene é responsável por codificar proteínas do grupo CARD, que estão relacionadas 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, as mutações no CARD9 podem ser uma causa de predisposição a infecções fúngicas em pacientes sem imunodeficiências conhecidas e que apresentam casos de candidíase vulvovaginal de repetição.

PALAVRAS-CHAVE: CANDIDÍASE, GENÉTICA, RECORRENTE, VULVOVAGINAL

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

² UNAERP, prncato@unaerp.br

