REVISTA TÓPICOS
ISSN 2965-6672 | Qualis A2

# O IMPACTO DO USO PROLONGADO DE ANTIBIÓTICOS NA MICROBIOTA VAGINAL E RISCO DE CANDIDÍASE

## THE IMPACT OF PROLONGED ANTIBIOTIC USE ON THE VAGINAL MICROBIOTA AND THE RISK OF CANDIDIASIS

Ciências Biológicas, Ciências da Saúde • 16/11/2026

REGISTRO DOI: 10.70773/revistatopicos/794569163

Elizandra Aparecida de Oliveira Lopes[1]

Walter Roberto Schiller[2]

Lara Cristina Casadei Ubeda[3]

Eduardo Vinicius Barboza dos Santos[4]

Eduarda Juliano Fanini[5]

Gabriela Brito Ribeiro[6]

**RESUMO**

A microbiota vaginal desempenha papel fundamental na manutenção da homeostase e na proteção contra microrganismos oportunistas, destacando-se as bactérias do gênero *Lactobacillus*, responsáveis pela produção de ácido lático e substâncias antimicrobianas. O presente estudo objetivou analisar a relação entre o uso prolongado de antibióticos, as alterações na microbiota vaginal e o desenvolvimento da candidíase vulvovaginal. Realizou-se uma revisão bibliográfica descritiva, mediante análise de 24 artigos científicos publicados entre 2016 e 2025, selecionados em bases científicas nacionais e internacionais. Os resultados demonstraram que a antibioticoterapia pode modificar a composição das comunidades bacterianas e fúngicas, favorecendo alterações no equilíbrio vaginal e condições associadas à proliferação de *Candida albicans*. Entretanto, os efeitos variam conforme a classe do antimicrobiano, as espécies bacterianas presentes e as características individuais da microbiota. Verificou-se que o desenvolvimento da candidíase não depende exclusivamente da redução dos lactobacilos, envolvendo também mecanismos de virulência fúngica e respostas imunológicas do hospedeiro. Além disso, a colonização por *Candida spp.* não caracteriza necessariamente infecção sintomática. Embora a antibioticoterapia represente um fator predisponente, as evidências analisadas não permitiram estabelecer relação causal direta entre a duração prolongada do tratamento e o aumento proporcional do risco de candidíase. Conclui-se que a associação apresenta caráter multifatorial, ressaltando a importância do uso racional de antibióticos e da realização de novos estudos que investiguem especificamente os efeitos da duração da exposição antimicrobiana sobre a microbiota vaginal e a suscetibilidade à infecção em diferentes condições clínicas.

**Palavras-chave:** Antibacterianos; Candidíase vulvovaginal; Microbiota.

**ABSTRACT**

The vaginal microbiota plays a fundamental role in maintaining homeostasis and protecting against opportunistic microorganisms, particularly bacteria of the genus *Lactobacillus*, which are responsible for producing lactic acid and antimicrobial substances. This study aimed to analyze the relationship between prolonged antibiotic use, alterations in the vaginal microbiota, and the development of vulvovaginal candidiasis. A descriptive literature review was conducted through the analysis of 24 scientific articles published between 2016 and 2025, selected from national and international scientific databases. The findings demonstrated that antibiotic therapy can alter the composition of bacterial and fungal communities, promoting disruptions in vaginal microbial balance and creating conditions associated with the proliferation of *Candida albicans.* However, these effects vary depending on the antimicrobial class, the bacterial species present, and the individual characteristics of the microbiota. The findings also indicated that the development of candidiasis does not depend exclusively on the reduction of lactobacilli but also involves fungal virulence mechanisms and host immune responses. Furthermore, colonization by *Candida spp.* does not necessarily indicate symptomatic infection. Although antibiotic therapy represents a predisposing factor, the evidence reviewed did not establish a direct causal relationship between prolonged treatment duration and a proportional increase in the risk of candidiasis. In conclusion, this association is multifactorial, highlighting the importance of rational antibiotic use and the need for further studies specifically investigating the effects of antimicrobial exposure duration on the

vaginal microbiota and susceptibility to infection under different clinical conditions.

**Keywords:** Anti-bacterial agents; Candidiasis vulvovaginal; Microbiota.

## 1. INTRODUÇÃO

O uso prolongado de antibióticos promove alterações na composição da microbiota vaginal, reduzindo a população de bactérias protetoras do gênero *Lactobacillus* e favorecendo a instalação da disbiose vaginal. Como consequência, ocorre aumento da proliferação de *Candida albicans*, elevando o risco de desenvolvimento da candidíase vulvovaginal.

O corpo humano possui diversos microrganismos fundamentais para o funcionamento adequado do organismo, considerando que a microbiota vaginal participa de mecanismos relacionados à imunidade, metabolismo e proteção contra agentes patogênicos (Saraf et al., 2021). Além disso, a presença desses microrganismos estabelece uma relação equilibrada com o hospedeiro, contribuindo para a manutenção da homeostase e da estabilidade fisiológica do organismo. Entre os diferentes microbiomas presentes no corpo humano, a microbiota vaginal possui grande importância para a saúde feminina por atuar diretamente na proteção do trato genital e na manutenção da homeostase vaginal (Ceccarani et al., 2019).

A microbiota vaginal é composta por uma comunidade dinâmica de microrganismos que sofre influência constante de fatores hormonais, fisiológicos e ambientais (Shen et al., 2022). Alterações relacionadas à idade, ciclo menstrual, gestação, atividade sexual, hábitos íntimos e uso de medicamentos podem modificar a

composição dos microrganismos presentes no ambiente vaginal (Saraf et al., 2021). Apesar dessas variações, mulheres saudáveis em idade reprodutiva geralmente apresentam predominância de bactérias do gênero *Lactobacillus*, frequentemente associadas à manutenção da estabilidade microbiana vaginal (Amabebe; Anumba, 2018).

Além da proteção local, a microbiota vaginal também está diretamente relacionada à saúde reprodutiva feminina (Van de Wijgert; Jespers, 2017). Alterações na composição microbiana vaginal podem favorecer processos infecciosos, inflamatórios e diferentes complicações ginecológicas e obstétricas (Saraf et al., 2021). Entre as principais condições associadas às alterações desse ecossistema destacam-se infecções vaginais recorrentes, infecções sexualmente transmissíveis, infertilidade e complicações gestacionais, incluindo parto prematuro (Van de Wijgert; Jespers, 2017).

Com o avanço das pesquisas relacionadas ao microbioma vaginal, tornou-se possível compreender melhor a relação entre os microrganismos vaginais e a saúde ginecológica feminina (Kalia et al., 2020). Estudos recentes demonstram que alterações na composição da microbiota vaginal podem impactar diretamente o ambiente genital feminino e favorecer o surgimento de diferentes alterações clínicas (Ceccarani et al., 2019). Dessa forma, compreender os fatores que interferem na composição desse ecossistema microbiano tornou-se essencial para o desenvolvimento de estratégias de prevenção, diagnóstico e tratamento de alterações ginecológicas associadas à disbiose vaginal (Saraf et al., 2021).

A antibioticoterapia representa uma das principais ferramentas terapêuticas utilizadas no tratamento de infecções bacterianas,

contribuindo significativamente para a redução da mortalidade associada a doenças infecciosas. Entretanto, o uso prolongado e indiscriminado desses medicamentos pode provocar alterações importantes na microbiota humana, especialmente na microbiota vaginal, favorecendo estados de disbiose e comprometendo os mecanismos naturais de defesa do trato genital feminino (Borrego-Ruiz; Borrego, 2025).

A candidíase vulvovaginal é considerada uma das infecções ginecológicas mais frequentes em mulheres em idade reprodutiva, acometendo milhões de mulheres em todo o mundo (Yano et al., 2019; Gonçalves et al., 2016; Denning et al., 2018). Além do desconforto físico causado pelos sintomas, como prurido, ardência, irritação e corrimento vaginal, a infecção também pode impactar negativamente a qualidade de vida, o bem-estar emocional, a vida sexual e a saúde reprodutiva feminina (Rosati et al., 2020). Nos casos recorrentes, observa-se ainda maior impacto psicossocial e necessidade de tratamentos prolongados, favorecendo aumento dos custos relacionados ao acompanhamento clínico e terapêutico (Neal; Martens, 2022).

Apesar da elevada incidência da candidíase vulvovaginal e da reconhecida associação entre antibioticoterapia e disbiose vaginal, os mecanismos envolvidos nesse processo ainda não são completamente compreendidos (Shukla; Sobel, 2019). Além disso, a influência específica da duração do tratamento sobre a composição da microbiota vaginal e o desenvolvimento da infecção ainda apresenta lacunas na literatura. Diante disso, torna-se relevante investigar essa associação, contribuindo para uma melhor compreensão dos possíveis efeitos da antibioticoterapia sobre a saúde vaginal feminina.

O trabalho tem como objetivo analisar a relação entre o uso prolongado de antibióticos, as alterações na composição da microbiota vaginal e o desenvolvimento da candidíase vulvovaginal, considerando os mecanismos envolvidos na disbiose e na suscetibilidade à infecção.

## 2. METODOLOGIA DE PESQUISA

Para atender ao objetivo proposto, foi realizada uma revisão bibliográfica de caráter descritivo, fundamentada na análise de publicações científicas relacionadas à antibioticoterapia, à composição da microbiota vaginal e à candidíase vulvovaginal. A abordagem adotada permitiu reunir e discutir as evidências disponíveis sobre essa associação, considerando os mecanismos envolvidos e as limitações identificadas na literatura.

A busca dos artigos científicos foi realizada entre os meses de fevereiro a outubro de 2026, utilizando as bases de dados PubMed, SciELO, Google Scholar e periódicos indexados nas plataformas Frontiers, MDPI, Nature, BMC e Research in Microbiology. Para a pesquisa, foram utilizados descritores em português e inglês, incluindo os termos: “microbiota vaginal”, “vaginal microbiome”, “disbiose vaginal”, “vulvovaginal candidiasis”, “Candida albicans”, “antibiotics”, “antibiotic therapy” e “Lactobacillus”, os termos foram combinados por meio dos operadores booleanos AND e OR.

Como critérios de inclusão, foram selecionados artigos publicados entre os anos de 2016 e 2025, nos idiomas português e inglês, que abordassem a composição da microbiota vaginal, os mecanismos envolvidos na disbiose vaginal, o impacto da antibioticoterapia sobre o ambiente vaginal e sua relação com o desenvolvimento da

candidíase vulvovaginal. Também foram incluídos artigos de revisão e estudos originais considerados relevantes para a temática.

Foram excluídos estudos duplicados, trabalhos que não apresentavam relação direta com o tema proposto e publicações que abordavam exclusivamente outras infecções ginecológicas sem associação com a microbiota vaginal ou com a candidíase vulvovaginal.

Após a aplicação dos critérios de inclusão e exclusão, foram selecionados 24 artigos científicos para compor a fundamentação teórica deste estudo, por apresentarem informações relevantes e atualizadas sobre a influência dos antibióticos na microbiota vaginal e sua associação com o desenvolvimento da candidíase vulvovaginal.

## 3. REFERENCIAL TEÓRICO

Durante o período reprodutivo feminino, a microbiota vaginal saudável apresenta predominância de bactérias do gênero *Lactobacillus* (Amabebe; Anumba, 2018). Entre as espécies mais frequentemente encontradas destacam-se *Lactobacillus crispatus*, *Lactobacillus gasseri*, *Lactobacillus jensenii* e *Lactobacillus iners* (Ceccarani et al., 2019). Essas bactérias exercem importante função protetora na manutenção da homeostase vaginal e na prevenção da colonização por agentes infecciosos oportunistas (Valenti et al., 2018).

Os lactobacilos são responsáveis pela produção de ácido lático a partir do metabolismo do glicogênio presente nas células epiteliais vaginais (Tachedjian et al., 2017). A produção desse ácido contribui para a manutenção do pH vaginal em níveis mais ácidos, criando um

ambiente desfavorável para a proliferação excessiva de bactérias anaeróbias e fungos oportunistas (Han; Liu; Chen, 2021). Além disso, o ácido lático também participa da modulação da resposta imunológica local e auxilia na preservação da integridade da mucosa vaginal (Tachedjian et al., 2017).

Além da manutenção do pH ácido, os lactobacilos também produzem substâncias antimicrobianas, como bacteriocinas e peróxido de hidrogênio, que auxiliam no controle microbiano local (Valenti et al., 2018). Esses microrganismos ainda competem por nutrientes e sítios de adesão presentes na mucosa vaginal, dificultando a colonização de patógenos oportunistas (Kalia et al., 2020). Dessa forma, a microbiota vaginal atua como uma importante barreira natural de defesa do trato genital feminino (Valenti et al., 2018).

A estabilidade da microbiota vaginal depende da interação equilibrada entre microbiota, hormônios e sistema imunológico (Shen et al., 2022). Alterações hormonais, uso de medicamentos, estresse e outros fatores externos podem interferir na composição microbiana vaginal (Saraf et al., 2021). Quando ocorre redução da população de lactobacilos e aumento da diversidade microbiana, estabelece-se um quadro de disbiose vaginal (Han; Liu; Chen, 2021).

Esse desequilíbrio compromete os mecanismos naturais de defesa do trato genital feminino e favorece o crescimento de microrganismos oportunistas (Borrego-Ruiz; Borrego, 2025). Estudos demonstram que microbiotas dominadas por *Lactobacillus crispatus* costumam apresentar maior estabilidade, enquanto a predominância de *Lactobacillus iners* está frequentemente associada a estados de transição e desequilíbrio microbiano

(Ceccarani et al., 2019). Entre os microrganismos favorecidos pela alteração da microbiota vaginal destaca-se *Candida albicans*, fungo que pode estar presente de forma comensal no ambiente vaginal sem causar sintomas clínicos (Gonçalves et al., 2016; Denning et al., 2018). Entretanto, alterações no equilíbrio microbiano e no pH vaginal podem favorecer sua proliferação excessiva e o desenvolvimento da candidíase vulvovaginal (Kalia et al., 2020).

A microbiota vaginal saudável apresenta predominância de bactérias do gênero *Lactobacillus*, responsáveis pela manutenção do pH vaginal ácido e pelo controle da proliferação de microrganismos oportunistas (Chee; Chew; Than, 2020). Entretanto, fatores intrínsecos e extrínsecos, incluindo o uso de antibióticos, podem alterar significativamente esse equilíbrio microbiano, favorecendo o crescimento excessivo de fungos do gênero *Candida,* especialmente *Candida albicans* (Shukla; Sobel, 2019). Estudos recentes demonstram que antibióticos β-lactâmicos promovem alterações no microbioma capazes de estimular mecanismos associados à transição de *Candida albicans* de um estado comensal para um perfil invasivo e patogênico (Tan et al., 2021).

A análise dos estudos selecionados demonstra que a composição da microbiota vaginal e sua relação com a candidíase vulvovaginal dependem de diferentes fatores. Embora a predominância de *Lactobacillus* esteja frequentemente associada à estabilidade do ambiente vaginal, diferenças entre espécies, condições individuais e exposições externas podem modificar a dinâmica desse ecossistema. Nesse contexto, a antibioticoterapia se destaca como um dos fatores capazes de interferir nessas relações, embora seus efeitos não ocorram de maneira uniforme e sua associação com a

CVV envolva mecanismos ainda parcialmente esclarecidos (Ceccarani et al., 2019; Shukla; Sobel, 2019).

Entre as espécies frequentemente encontradas destacam-se *Lactobacillus crispatus*, *Lactobacillus gasseri*, *Lactobacillus jensenii* e *Lactobacillus iners*. Entretanto, a presença dessas espécies pode apresentar diferentes relações com a estabilidade da microbiota. *Lactobacillus crispatus* foi associado com maior frequência a condições de equilíbrio vaginal, enquanto *Lactobacillus iners* apresentou maior participação em comunidades microbianas alteradas, demonstrando que a identificação do gênero *Lactobacillus*, isoladamente, não representa todas as características funcionais da comunidade vaginal (Ceccarani et al., 2019).

A atividade protetora dos lactobacilos envolve mecanismos como a produção de ácido lático, que contribui para a manutenção das condições do ambiente vaginal, além da produção de substâncias antimicrobianas e da competição por nutrientes e sítios de adesão. Esses mecanismos atuam de maneira conjunta na manutenção do equilíbrio local, embora não representem proteção absoluta contra a candidíase, cujo desenvolvimento também depende das características do fungo e da resposta do hospedeiro (Tachedjian et al., 2017; Valenti et al., 2018).

A composição da microbiota vaginal também apresenta variações relacionadas à idade, alterações hormonais, ciclo menstrual, gestação, atividade sexual, hábitos individuais e uso de medicamentos. Por esse motivo, nem toda modificação da comunidade microbiana deve ser interpretada como patológica. Alterações mais significativas nas relações entre as populações presentes, entretanto, podem participar de estados de disbiose

associados a diferentes condições do trato genital feminino (Chen et al., 2021; Shen et al., 2022).

Em uma análise envolvendo 79 mulheres em idade reprodutiva distribuídas entre grupos saudáveis e grupos com candidíase vulvovaginal, vaginose bacteriana ou infecção por *Chlamydia trachomatis*, foram identificadas diferenças na composição da microbiota e no perfil metabólico entre as condições analisadas, incluindo alterações na presença de lactobacilos e nos níveis de lactato. Esses resultados demonstram que diferentes condições clínicas podem estar acompanhadas por modificações mais amplas no ecossistema vaginal. Entretanto, por se tratar da comparação entre grupos com condições distintas, esses achados não permitem concluir que a antibioticoterapia tenha provocado as alterações observadas ou que essas modificações tenham antecedido o desenvolvimento da candidíase (Ceccarani et al., 2019).

Entre os fatores capazes de interferir nesse equilíbrio encontra-se a antibioticoterapia. Embora os antibióticos sejam fundamentais para o tratamento de infecções bacterianas, sua ação pode alcançar outras populações bacterianas presentes no organismo, modificando as relações existentes na comunidade microbiana. Nesse contexto, a exposição aos antibacterianos pode alterar as condições do ambiente vaginal e as interações estabelecidas com outros microrganismos, incluindo fungos do gênero *Candida* (Shukla; Sobel, 2019).

Além disso, as bactérias presentes na microbiota vaginal não apresentam necessariamente a mesma resposta aos diferentes antimicrobianos. A avaliação de 25 isolados de bactérias ácido-láticas vaginais diante de 16 antibióticos demonstrou diferenças nos perfis

de suscetibilidade e resistência, indicando que as populações presentes nesse ambiente podem responder de maneira distinta à exposição aos medicamentos. Esses resultados fornecem fundamento para considerar a ocorrência de pressão seletiva sobre a comunidade bacteriana, embora estudos realizados com isolados em condições laboratoriais não reproduzam integralmente a dinâmica da microbiota vaginal no organismo (Sirichoat et al., 2020).

A pressão seletiva exercida pelos antimicrobianos pode, portanto, favorecer a permanência de populações menos suscetíveis enquanto outras são mais afetadas, contribuindo para uma composição diferente daquela observada antes da exposição. Essa interpretação também demonstra porque os efeitos da antibioticoterapia sobre a microbiota vaginal não devem ser reduzidos à ideia de eliminação generalizada dos lactobacilos, uma vez que a resposta depende das espécies presentes, do medicamento utilizado e das condições anteriores da comunidade.

Essa complexidade pode ser observada após o tratamento com metronidazol oral em mulheres com vaginose bacteriana e/ou tricomoníase. Após a intervenção, houve redução da concentração de bactérias anaeróbias associadas à vaginose e aumento da concentração média de lactobacilos, sendo *Lactobacillus iners* é a espécie mais frequente antes e depois do tratamento. Nesse contexto, portanto, a exposição ao antimicrobiano foi acompanhada por aumento, e não redução, dos lactobacilos. Como as participantes apresentavam uma condição vaginal previamente alterada e o medicamento estava direcionado ao seu tratamento, os resultados reforçam que os efeitos dos antibióticos precisam ser interpretados considerando a indicação terapêutica e o estado inicial da microbiota (Verwijs et al., 2020).

Nesse contexto, estratégias voltadas à restauração da microbiota vaginal também têm sido investigadas. O uso de probióticos contendo cepas de *Lactobacillus* e de derivados produzidos por essas bactérias apresenta potencial como abordagem complementar para favorecer o restabelecimento de um ambiente vaginal equilibrado. Entretanto, apesar dos resultados promissores descritos na literatura, ainda existem limitações relacionadas à aplicação dessas estratégias, sendo necessários estudos adicionais para estabelecer de maneira mais consistente sua utilização na prevenção e no manejo das alterações do ecossistema vaginal (Chee; Chew; Than, 2020).

Embora a exposição aos antibióticos seja reconhecida como um fator associado a candidíase vulvovaginal, os mecanismos responsáveis por essa relação permanecem parcialmente esclarecidos. Alterações no ambiente vaginal constituem uma das explicações propostas, porém a associação não pode ser atribuída exclusivamente à redução dos lactobacilos, indicando uma relação mais complexa entre antibioticoterapia e CVV (Shukla; Sobel, 2019).

Essa associação também é observada clinicamente. Em um estudo envolvendo 284 mulheres, o uso de antibióticos foi o fator de risco mais frequentemente mencionado entre aquelas que identificaram uma possível causa para seus episódios de CVV, correspondendo a 37,8% dos relatos. Embora esse resultado não estabeleça uma relação causal, reforça a antibioticoterapia como possível fator predisponente para a doença (Yano et al., 2019).

Alterações na comunidade fúngica após antibioticoterapia também foram observadas em mulheres submetidas ao tratamento com metronidazol vaginal durante cinco dias para vaginose bacteriana. A

detecção de fungos aumentou de 19% antes do tratamento para 46% imediatamente após a intervenção, sendo *Candida albicans* responsável pela maior parte desse aumento. Posteriormente, a abundância fúngica retornou aos níveis anteriores, indicando caráter transitório da alteração. Entretanto, a maior detecção de fungos não corresponde necessariamente ao desenvolvimento de candidíase sintomática e, como as participantes apresentavam vaginose bacteriana e receberam especificamente metronidazol, os resultados não podem ser generalizados para outras classes de antibióticos ou para mulheres com microbiota inicialmente saudável (Armstrong et al., 2024).

Quando analisados em conjunto, os resultados referentes às comunidades bacteriana e fúngica reforçam que o ecossistema vaginal precisa ser considerado de maneira integrada. Enquanto determinadas intervenções antimicrobianas podem modificar a composição bacteriana, alterações na comunidade fúngica também podem ocorrer após o tratamento. Entretanto, os estudos disponíveis não permitem estabelecer que essas mudanças aconteçam da mesma forma em diferentes situações clínicas ou que necessariamente resultem em CVV (Armstrong et al., 2024; Verwijs et al., 2020).

Outro mecanismo potencial relacionado à exposição aos antibióticos foi demonstrado experimentalmente a partir da observação de que antibióticos β-lactâmicos podem favorecer a liberação bacteriana de fragmentos de peptidoglicano capazes de estimular o crescimento de hifas de *Candida albicans*. Esse achado sugere que os efeitos da antibioticoterapia podem envolver não apenas alterações quantitativas das populações microbianas, mas também mudanças nas interações entre bactérias e fungos (Tan et al., 2021).

Entretanto, esse mecanismo não foi demonstrado diretamente na microbiota vaginal humana. Dessa forma, sua aplicação à CVV deve ser interpretada como uma possibilidade mecanística, e não como comprovação de que esse processo seja responsável pelo desenvolvimento da doença após o uso de antibióticos. A comparação entre evidências experimentais e estudos realizados em mulheres contribui para ampliar a compreensão do tema, desde que sejam preservadas as diferenças entre os contextos investigados (Armstrong et al., 2024; Tan et al., 2021).

A presença de *Candida albicans* no ambiente vaginal, por sua vez, não representa necessariamente a ocorrência de candidíase vulvovaginal. O fungo pode estar presente de forma comensal sem provocar manifestações clínicas, sendo a progressão para a doença dependente da interação entre suas características, as condições locais e fatores relacionados ao hospedeiro. Dessa forma, colonização e infecção representam situações distintas, e o aumento da presença ou abundância de *Candida* precisa ser interpretado juntamente com os sinais, sintomas e demais informações clínicas (Gonçalves et al., 2016; Willems et al., 2020).

Quando condições favoráveis são estabelecidas, diferentes mecanismos de virulência de *Candida albicans* podem contribuir para o desenvolvimento da infecção. Entre eles estão a capacidade de adesão às células do hospedeiro, adaptação às condições ambientais, aquisição de nutrientes e transição da forma de levedura para formas filamentosas, principalmente hifas. Essa capacidade de modificar sua morfologia participa da interação do fungo com o epitélio e demonstra que sua patogenicidade depende também do comportamento apresentado diante das condições encontradas no ambiente vaginal (Lopes; Lionakis, 2022).

Durante a infecção, a formação de hifas e a produção de candidalisina podem provocar danos às células epiteliais e estimular a liberação de mediadores inflamatórios, favorecendo o recrutamento de células do sistema imunológico, especialmente neutrófilos. Entretanto, a resposta inflamatória não representa apenas uma tentativa de eliminação do fungo, pois uma inflamação exacerbada da mucosa também pode participar das manifestações clínicas da CVV. Dessa forma, sintomas como prurido, ardência, irritação e desconforto vaginal resultam da interação entre a atividade do fungo e a resposta local do hospedeiro, e não exclusivamente da quantidade de *Candida* presente (Rosati et al., 2020; Willems et al., 2020).

Essa interação ajuda a compreender por que a exposição a um mesmo fator predisponente não resulta necessariamente na mesma manifestação clínica em todas as mulheres. A antibioticoterapia pode modificar componentes do ambiente microbiano, mas o desenvolvimento da doença depende da combinação dessas alterações com os mecanismos de virulência do fungo e com a resposta do hospedeiro (Rosati et al., 2020; Shukla; Sobel, 2019).

Nos casos recorrentes, a compreensão da CVV torna-se ainda mais complexa. Embora *Candida albicans* permaneça como a espécie mais frequentemente relacionada à infecção, espécies não-albicans também podem estar envolvidas e apresentar diferenças na suscetibilidade aos antifúngicos, dificultando o manejo de alguns casos. A recorrência, portanto, não deve ser interpretada como uma condição uniforme nem atribuída exclusivamente à permanência de uma alteração bacteriana ou à exposição prévia aos antibióticos (Gonçalves et al., 2016; Kalia; Singh; Kaur, 2020).

A elevada carga da candidíase vulvovaginal recorrente e suas implicações para a qualidade de vida reforçam a importância da investigação adequada dos episódios. Especialmente nesses casos, o histórico de antibioticoterapia representa uma informação relevante, mas não substitui a confirmação diagnóstica e a identificação do agente envolvido. A repetição dos sintomas pode apresentar diferentes características microbiológicas e clínicas, exigindo avaliação que considere tanto os fatores predisponentes quanto as particularidades de cada episódio (Denning et al., 2018; Neal; Martens, 2022).

Diante dos estudos analisados, observa-se que a relação entre antibioticoterapia, microbiota vaginal e candidíase vulvovaginal envolve diferentes mecanismos. Os antibióticos podem modificar a composição das comunidades bacterianas e as interações existentes no ecossistema vaginal, enquanto alterações na comunidade fúngica também podem ocorrer após determinados tratamentos. A progressão da colonização para a doença, entretanto, depende ainda dos mecanismos de virulência de *Candida* e da resposta do hospedeiro, demonstrando o caráter multifatorial da CVV (Armstrong et al., 2024; Shukla; Sobel, 2019; Willems et al., 2020).

Um aspecto particularmente importante para o presente estudo refere-se à duração da antibioticoterapia. Embora o trabalho tenha como foco o impacto do uso prolongado desses medicamentos, os estudos analisados apresentam evidências mais consistentes sobre a exposição aos antibióticos de maneira geral. A partir desses resultados, não é possível estabelecer que o aumento da duração do tratamento provoque proporcionalmente maior alteração da microbiota vaginal ou maior risco de desenvolvimento de candidíase. A associação entre exposição aos antibióticos e CVV e a

influência específica da duração do tratamento constituem questões distintas e exigem evidências próprias (Armstrong et al., 2024; Shukla; Sobel, 2019).

Além disso, um tratamento contínuo de maior duração e a realização de vários ciclos curtos de antibioticoterapia não representam necessariamente exposições equivalentes. Fatores como classe do medicamento, dose, via de administração, intervalo entre os tratamentos e composição anterior da microbiota podem influenciar os efeitos observados. Dessa maneira, a duração da antibioticoterapia não deve ser analisada isoladamente dos demais elementos envolvidos.

A limitada quantidade de evidências específicas sobre o uso prolongado identificada nesta revisão representa uma lacuna importante para a compreensão do tema. Estudos que comparem diferentes períodos de tratamento, considerem as classes e doses utilizadas e acompanhem a composição da microbiota vaginal antes e após a antibioticoterapia poderão contribuir para esclarecer de maneira mais direta essa relação. Da mesma forma, a avaliação conjunta da microbiota, dos sintomas e da confirmação diagnóstica da CVV é necessária para diferenciar alterações microbianas transitórias do desenvolvimento efetivo da doença.

De forma geral, os resultados analisados sustentam a importância da antibioticoterapia como um dos fatores associados às alterações do ecossistema vaginal e à suscetibilidade à candidíase vulvovaginal. Entretanto, a literatura não sustenta uma explicação baseada exclusivamente na redução dos lactobacilos. A relação envolve alterações nas comunidades bacteriana e fúngica, mecanismos de virulência de *Candida* e características da resposta do hospedeiro,

preservando-se a distinção entre colonização e doença (Armstrong et al., 2024; Rosati et al., 2020; Shukla; Sobel, 2019).

Nesse contexto, o uso racional de antibióticos permanece importante para evitar exposições desnecessárias capazes de interferir nas comunidades microbianas do organismo. No ambiente vaginal, reconhecer esses possíveis efeitos permite considerar a antibioticoterapia como parte de um conjunto de fatores envolvidos na suscetibilidade à CVV, sem desconsiderar sua importância terapêutica ou atribuir a ela, isoladamente, a ocorrência de todos os episódios. Assim, os resultados reforçam a necessidade de indicação adequada dos antibacterianos e, ao mesmo tempo, demonstram que a relação entre seu uso, as alterações da microbiota vaginal e o desenvolvimento da candidíase ainda apresenta aspectos que necessitam de maior investigação (Neal; Martens, 2022; Shukla; Sobel, 2019).

## 4. CONCLUSÃO

A partir dos estudos analisados, foi possível observar que a antibioticoterapia está associada a alterações na microbiota vaginal e pode atuar como fator predisponente para o desenvolvimento da candidíase vulvovaginal. Entretanto, essa relação não ocorre de maneira simples ou uniforme, uma vez que os efeitos dos antibióticos sobre o ecossistema vaginal podem variar de acordo com diferentes fatores e não se restringem exclusivamente à redução da população de *Lactobacillus*.

Os resultados encontrados indicam que a exposição aos antibióticos pode modificar a composição das comunidades bacteriana e fúngica vaginal, favorecendo condições que podem contribuir para a

proliferação de *Candida albicans*. Contudo, a presença ou o aumento desse fungo não determina, isoladamente, o desenvolvimento da doença, que também depende de fatores relacionados à virulência fúngica, à resposta do hospedeiro e às características individuais da microbiota vaginal. Dessa forma, a hipótese proposta foi parcialmente sustentada, pois foi identificada associação entre antibioticoterapia, alterações do ecossistema vaginal e maior susceptibilidade à CVV, porém não foi possível estabelecer uma relação causal direta baseada exclusivamente na redução de lactobacilos.

Em relação especificamente ao uso prolongado de antibióticos, verificou-se uma limitação importante na literatura analisada, uma vez que poucos estudos avaliaram diretamente a influência da duração do tratamento sobre a microbiota vaginal e o risco de candidíase vulvovaginal. Assim, embora a exposição aos antibióticos seja reconhecida como fator associado à CVV, não é possível concluir, com base nas evidências disponíveis nesta revisão, que o aumento da duração da antibioticoterapia provoque proporcionalmente maior desequilíbrio da microbiota ou maior risco de desenvolvimento da doença.

Diante disso, destaca-se a necessidade de novos estudos que avaliem especificamente diferentes períodos de exposição aos antibióticos e sua relação com as alterações da microbiota vaginal e o desenvolvimento da CVV. Além disso, os achados reforçam a importância do uso racional de antimicrobianos, evitando sua utilização desnecessária e considerando seus possíveis efeitos sobre o equilíbrio do ecossistema vaginal.

**REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS**

Amabebe, E.; Anumba, D. O. C. The Vaginal Microenvironment: The Physiologic Role Of Lactobacilli. **Frontiers In Medicine,** V. 5, Art. 181, 2018. doi: 10.3389/Fmed.2018.00181.

Armstrong, E. Et Al. Vaginal Fungi Are Associated With Treatment-Induced Shifts In The Vaginal Microbiota And With A Distinct Genital Immune Profile. **Microbiology Spectrum,** V. 12, N. 8, E03501-23, 2024. doi: 10.1128/Spectrum.03501-23.

Borrego-Ruiz, A.; Borrego, J. J. Microbial Pathogens Linked To Vaginal Microbiome Dysbiosis And Therapeutic Tools For Their Treatment. **Acta Microbiologica Hellenica,** V. 70, N. 2, Art. 19, 2025. doi: 10.3390/Amh70020019.

Ceccarani, C. Et Al. Diversity Of Vaginal Microbiome And Metabolome During Genital Infections. **Scientific Reports,** V. 9, Art. 14095, 2019. doi: 10.1038/S41598-019-50410-X.

Chee, W. J. Y.; Chew, S. Y.; Than, L. T. L. Vaginal Microbiota And The Potential Of Lactobacillus Derivatives In Maintaining Vaginal Health. **Microbial Cell Factories,** V. 19, Art. 203, 2020. doi: 10.1186/S12934-020-01464-4.

Chen, X.; Lu, Y.; Chen, T.; Li, R. The Female Vaginal Microbiome In Health And Bacterial Vaginosis. **Frontiers In Cellular And Infection Microbiology,** V. 11, Art. 631972, 2021. doi: 10.3389/Fcimb.2021.631972.

Denning, D. W.; Kneale, M.; Sobel, J. D.; Rautemaa-Richardson, R. Global Burden Of Recurrent Vulvovaginal Candidiasis: A Systematic Review. **The Lancet Infectious Diseases,** V. 18, N. 11, P. E339-E347, 2018. doi: 10.1016/S1473-3099(18)30103-8.

Gonçalves, B. Et Al. Vulvovaginal Candidiasis: Epidemiology, Microbiology And Risk Factors. **Critical Reviews In Microbiology,** V. 42, N. 6, P. 905-927, 2016. doi: 10.3109/1040841x.2015.1091805.

Han, Y.; Liu, Z.; Chen, T. Role Of Vaginal Microbiota Dysbiosis In Gynecological Diseases And The Potential Interventions. **Frontiers In Microbiology,** V. 12, Art. 643422, 2021. doi: 10.3389/Fmicb.2021.643422.

Kalia, N.; Singh, J.; Kaur, M. Microbiota In Vaginal Health And Pathogenesis Of Recurrent Vulvovaginal Infections: A Critical Review. **Annals Of Clinical Microbiology And Antimicrobials,** V. 19, Art. 5, 2020. doi: 10.1186/S12941-020-0347-4.

Lopes, J. P.; Lionakis, M. S. Pathogenesis And Virulence Of Candida Albicans. **Virulence,** V. 13, N. 1, P. 89-121, 2022. doi: 10.1080/21505594.2021.2019950.

Neal, C. M.; Martens, M. G. Clinical Challenges In Diagnosis And Treatment Of Recurrent Vulvovaginal Candidiasis. **Sage Open Medicine,** V. 10, P. 1-7, 2022. Doi: 10.1177/20503121221115201.

Rosati, D. Et Al. Recurrent Vulvovaginal Candidiasis: An Immunological Perspective. **Microorganisms,** V. 8, N. 2, Art. 144, 2020. Doi: 10.3390/Microorganisms8020144.

Saraf, V. S. Et Al. Vaginal Microbiome: Normalcy Vs Dysbiosis. **Archives Of Microbiology,** 2021. doi: 10.1007/S00203-021-02414-3.

Shen, L. Et Al. Vaginal Microecological Characteristics Of Women In Different Physiological And Pathological Period. **Frontiers In Cellular And Infection Microbiology,** V. 12, Art. 959793, 2022. doi: 10.3389/Fcimb.2022.959793.

Shukla, A.; Sobel, J. D. Vulvovaginitis Caused By Candida Species Following Antibiotic Exposure. **Current Infectious Disease Reports,** V. 21, Art. 44, 2019. doi: 10.1007/S11908-019-0700-Y.

Sirichoat, A. Et Al. Antibiotic Susceptibility Profiles Of Lactic Acid Bacteria From The Human Vagina And Genetic Basis Of Acquired Resistances. **International Journal Of Molecular Sciences,** V. 21, N. 7, Art. 2594, 2020. Doi: 10.3390/Ijms21072594.

Tachedjian, G.; Aldunate, M.; Bradshaw, C. S.; Cone, R. A. The Role Of Lactic Acid Production By Probiotic Lactobacillus Species In Vaginal Health. **Research In Microbiology,** V. 168, N. 9-10, P. 782-792, 2017. doi: 10.1016/J.Resmic.2017.04.001.

Tan, C. T.; Xu, X.; Qiao, Y.; Wang, Y. A Peptidoglycan Storm Caused By Β-Lactam Antibiotic's Action On Host Microbiota Drives Candida Albicans Infection. **Nature Communications,** V. 12, 2021. doi: 10.1038/S41467-021-22845-2.

Valenti, P. Et Al. Role Of Lactobacilli And Lactoferrin In The Mucosal Cervicovaginal Defense. **Frontiers In Immunology,** V. 9, Art. 376, 2018. doi: 10.3389/Fimmu.2018.00376.

Van De Wijgert, J. H. H. M.; Jespers, V. The Global Health Impact Of Vaginal Dysbiosis. **Research In Microbiology,** V. 168, N. 9-10, P. 859-864, 2017. doi: 10.1016/J.Resmic.2017.02.003.

Verwijs, M. C.; Agaba, S. K.; Darby, A. C.; Van De Wijgert, J. H. H. M. Impact Of Oral Metronidazole Treatment On The Vaginal Microbiota And Correlates Of Treatment Failure. **American Journal Of Obstetrics And Gynecology,** V. 222, N. 2, P. 157.E1-157.E13, 2020. doi: 10.1016/J.Ajog.2019.08.008.

Willems, H. M. E. Et Al. Vulvovaginal Candidiasis: A Current Understanding And Burning Questions. **Journal Of Fungi,** V. 6, N. 1, Art. 27, 2020. doi: 10.3390/Jof6010027.

Yano, J. Et Al. Current Patient Perspectives Of Vulvovaginal Candidiasis: Incidence, Symptoms, Management And Post-Treatment Outcomes. **BMC Women's Health,** V. 19, Art. 48, 2019. doi: 10.1186/S12905-019-0748-8.

---

[1] Mestre em Saúde e Envelhecimento pela Faculdade de Medicina de Marília FAMEMA. Docente do curso de Biomedicina pela Universidade de Marília UNIMAR. ORCID: https://orcid.org/0000-0003-2798-1358.

[2] Mestre em Ciências Biológicas pela Universidade Estadual de São Paulo UNESP. Docente do curso de Biomedicina pela Universidade de Marília UNIMAR.

[3] Mestre em Análises Clínicas pela Universidade de Marília UNIMAR. Docente e coordenadora do curso de Biomedicina pela Universidade de Marília UNIMAR.

[4] Mestre em Interações Estruturais e Funcionais na Reabilitação pela Universidade de Marília UNIMAR. Docente do curso de Biomedicina pela Universidade de Marília UNIMAR. ORCID: https://orcid.org/0009-0000-1042-6839.

[5] Discente do Curso de Biomedicina da Universidade de Marília UNIMAR.

[6] Discente do Curso de Biomedicina da Universidade de Marília UNIMAR.