www.revistaft.com.br

Revista FT | ISSN 1678-0817 | v. 30, n. 164, 2026 | DOI: 10.69849/h0yq0d92

Relação entre disbiose intestinal e candidíase vulvovaginal recorrente: mecanismos imunológicos e microbiológicos envolvidos

Relationship between intestinal dysbiosis and recurrent vulvovaginal candidiasis: immunological and microbiological mechanisms involved

Gilvelania Nascimento Del Rei[1]
Francine Pinto dos Santos[2]

RESUMO

A candidíase vulvovaginal recorrente constitui uma condição de relevância clínica, caracterizada pela repetição de episódios sintomáticos e relacionada a alterações na interação entre *Candida sp*, microbiota vaginal e resposta imunológica do hospedeiro. Nesse contexto, a disbiose intestinal tem sido investigada como possível fator associado à alteração da homeostase microbiana e imunológica, podendo influenciar indiretamente a suscetibilidade à candidíase. O presente estudo teve como objetivo analisar a relação entre disbiose intestinal e candidíase vulvovaginal recorrente, identificando e discutindo os principais mecanismos imunológicos e microbiológicos envolvidos na ocorrência e manutenção dos episódios recorrentes. Foi realizada uma revisão integrativa da literatura, de abordagem qualitativa, descritiva e exploratória, mediante buscas nas bases PubMed/MEDLINE, SciELO, Scopus, ScienceDirect e Google Scholar, considerando estudos publicados entre 2016 e 2026, além de trabalhos anteriores utilizados para fundamentação de conceitos essenciais. Foram analisadas evidências referentes à microbiota intestinal e vaginal, mecanismos de virulência de *Candida sp*, resposta imunológica, metabólitos microbianos e eixo intestino-vagina. Os resultados demonstraram que a disbiose pode favorecer alterações na resistência à colonização, na produção de ácidos graxos de cadeia curta, na integridade das barreiras epiteliais e na regulação imunológica, contribuindo potencialmente para condições favoráveis à persistência de *Candida sp*. Entretanto, evidências recentes indicam que a disbiose intestinal ou a presença de *Candida sp* no intestino não explicam isoladamente a recorrência vaginal. Conclui-se que a relação entre disbiose intestinal e candidíase vulvovaginal recorrente é multifatorial e biologicamente plausível, envolvendo interações entre microbiota, metabolismo, imunidade e características do patógeno, sendo necessários novos estudos clínicos para esclarecer mecanismos causais e perspectivas terapêuticas.

Palavras-chave: Disbiose intestinal. Candidíase vulvovaginal recorrente. Microbiota.

ABSTRACT

Recurrent vulvovaginal candidiasis is a clinically relevant condition characterized by repeated symptomatic episodes and associated with changes in the interaction between *Candida sp*, the vaginal microbiota, and the host immune response. In this context, intestinal dysbiosis has been investigated as a potential factor associated with alterations in microbial and immune

1 Discente do curso de Biomedicina da Faculdade de Ilhéus, Centro de Ensino Superior, Ilhéus, Bahia. E-mail: gilvelania87@gmail.com

2 Docente do curso de Biomedicina da Faculdade de Ilhéus, Centro de Ensino Superior, Ilhéus, Bahia. E-mail: francine.biofarm@gmail.com

homeostasis, which may indirectly influence susceptibility to candidiasis. This study aimed to analyze the relationship between intestinal dysbiosis and recurrent vulvovaginal candidiasis, identifying and discussing the main immunological and microbiological mechanisms involved in the occurrence and maintenance of recurrent episodes. An integrative literature review with a qualitative, descriptive, and exploratory approach was conducted through searches in the PubMed/MEDLINE, SciELO, Scopus, ScienceDirect, and Google Scholar databases, considering studies published between 2016 and 2026, in addition to earlier studies used to support essential concepts. Evidence concerning the intestinal and vaginal microbiota, *Candida sp* virulence mechanisms, immune response, microbial metabolites, and the gut-vagina axis was analyzed. The results demonstrated that dysbiosis may promote changes in colonization resistance, short-chain fatty acid production, epithelial barrier integrity, and immune regulation, potentially contributing to conditions favorable for *Candida sp* persistence. However, recent evidence indicates that intestinal dysbiosis or the presence of *Candida sp* in the gut alone does not explain vaginal recurrence. It is concluded that the relationship between intestinal dysbiosis and recurrent vulvovaginal candidiasis is multifactorial and biologically plausible, involving interactions among microbiota, metabolism, immunity, and pathogen characteristics. Further clinical studies are needed to clarify causal mechanisms and therapeutic perspectives.

Keywords: Intestinal dysbiosis. Recurrent vulvovaginal candidiasis. Microbiota.

1 INTRODUÇÃO

A candidíase vulvovaginal (CVV) é uma das infecções fúngicas mais frequentes do trato genital feminino e afeta de forma relevante a saúde e a qualidade de vida das mulheres. Espécies de *Candida sp* podem estar presentes de modo assintomático na microbiota humana, mas desequilíbrios entre microrganismo e hospedeiro favorecem a passagem do estado comensal para o oportunista e patogênico. *Candida sp* é o principal agente da CVV, embora espécies não-albicans, como *C. glabrata*, também se associem a quadros recorrentes e de difícil tratamento (Faustino et al., 2025; Valentine et al., 2025).

A forma recorrente (CVVR), definida por três ou mais episódios sintomáticos em 12 meses, é um desafio clínico e pode relacionar-se a uso frequente de antimicrobianos, alterações hormonais, diabetes mellitus, imunossupressão e características do agente. Contudo, muitas mulheres não apresentam fator predisponente identificável, o que indica uma interação complexa entre patógeno, microbiota, barreiras epiteliais e resposta imune (CDC, 2021; Alastruey-Izquierdo et al., 2025).

Nesse contexto, a microbiota intestinal é importante para a homeostase e a regulação imunológica. *C. albicans* pode colonizar o intestino sem causar doença, sendo controlada por competição microbiana, disponibilidade de nutrientes, metabólitos e sistema imune. Quando esse equilíbrio se rompe, surge a disbiose, que altera a composição e a função da microbiota, favorece microrganismos oportunistas e modifica a resposta imune (Jensen et al., 2024; Song

et al., 2025). Seus efeitos podem ir além do intestino, pois a microbiota regula a imunidade sistêmica e das mucosas. A redução de certas bactérias compromete a resistência à colonização e altera metabólitos, como os ácidos graxos de cadeia curta, que podem interferir no crescimento e na virulência do fungo, constituindo um possível mecanismo de persistência e recorrência (Fróis-Martins; Lagler; Leibundgut-Landmann, 2024; Song et al., 2025).

Do ponto de vista imunológico, a colonização intestinal por *C. albicans* ativa a imunidade inata e adaptativa, incluindo células Th17, IL-17, IL-22, recrutamento de células efetoras e peptídeos antimicrobianos. Esses mecanismos controlam o fungo, mas respostas desreguladas podem favorecer inflamação. Na CVV, a intensidade dos sintomas depende da interação entre fatores de virulência e resposta inflamatória, de modo que a mera presença do fungo não explica a doença (Jensen et al., 2024; Valentine et al., 2025). Entre os mecanismos microbiológicos, destaca-se a alternância entre as formas leveduriforme e filamentosa: as hifas aumentam a adesão, a invasão e o dano epitelial, enquanto biofilmes e moléculas de virulência, como a candidalisina, favorecem a persistência e a inflamação, contribuindo para a recorrência (Faustino et al., 2025; Valentine et al., 2025).

A microbiota vaginal também é fundamental. Em equilíbrio, predominam espécies de *Lactobacillus*, que protegem o ambiente por meio do ácido lático e da competição por nutrientes e sítios de adesão. Alterações nessas comunidades favorecem *Candida sp*, e estudos recentes mostram diferenças na composição e nas interações da microbiota vaginal de mulheres com CVV (Liang et al., 2024; Valentine et al., 2025). Como *C. albicans* pode colonizar vários nichos ao mesmo tempo, as alterações da microbiota intestinal, como perda de diversidade, uso de antimicrobianos e mudança nos metabólitos, podem favorecer sua expansão e influenciar a imunidade.

Diante disso, a problemática do estudo é: de que maneira a disbiose intestinal contribui para a ocorrência e a recorrência da candidíase vulvovaginal, considerando os mecanismos imunológicos e microbiológicos envolvidos? O objetivo geral é analisar a relação entre disbiose intestinal e CVVR, identificando e discutindo os principais mecanismos imunológicos e microbiológicos envolvidos na ocorrência e na manutenção dos episódios recorrentes.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Microbiota intestinal e homeostase

A microbiota intestinal constitui um complexo ecossistema formado por bactérias, fungos, vírus e outros microrganismos que estabelecem relações dinâmicas com o organismo hospedeiro. Sua composição e atividade metabólica exercem funções importantes na manutenção da homeostase, participando da digestão de componentes alimentares, produção de metabólitos, proteção contra microrganismos potencialmente patogênicos e regulação das respostas imunológicas.

Nesse contexto, a microbiota não deve ser compreendida apenas como um conjunto de microrganismos presentes no trato gastrointestinal, mas como um componente biologicamente ativo que participa continuamente da interação entre ambiente, microrganismos e hospedeiro (Jensen et al., 2024; Song et al., 2025).

Entre os mecanismos relacionados à proteção intestinal destaca-se a chamada resistência à colonização, por meio da qual a comunidade microbiana dificulta a expansão de microrganismos oportunistas mediante competição por nutrientes e sítios de colonização, produção de metabólitos e modulação do ambiente intestinal.

A presença equilibrada de bactérias com diferentes funções metabólicas contribui, portanto, para limitar a proliferação de espécies potencialmente patogênicas. No caso de *Candida sp*, embora o fungo possa fazer parte da microbiota gastrointestinal de indivíduos saudáveis, sua expansão pode ocorrer quando as condições ecológicas do intestino são alteradas (Fróis-Martins; Lagler; Leibundgut-Landmann, 2024; Jensen et al., 2024).

Os metabólitos produzidos pela microbiota também participam dessa relação. Entre eles estão os ácidos graxos de cadeia curta, principalmente acetato, propionato e butirato, que apresentam funções relacionadas ao metabolismo microbiano, à integridade da barreira intestinal e à regulação imunológica.

Estudos recentes demonstram que esses metabólitos podem influenciar diretamente características fisiológicas de C. albicans, incluindo crescimento, resistência ao estresse e exposição de componentes da parede celular fúngica (Hickey et al., 2025). Dessa maneira, a microbiota intestinal pode interferir na capacidade de colonização do fungo não apenas pela competição entre microrganismos, mas também por meio de moléculas que modificam o comportamento do próprio patógeno.

A interação entre microbiota e imunidade constitui outro componente fundamental da homeostase intestinal. As comunidades microbianas contribuem para o desenvolvimento e a regulação das respostas imunes, enquanto o sistema imunológico controla a composição da microbiota e impede a proliferação excessiva de determinados microrganismos.

Esse equilíbrio bidirecional é particularmente relevante para a manutenção das mucosas, uma vez que alterações na composição microbiana podem modificar a resposta inflamatória e a capacidade do organismo de controlar microrganismos oportunistas (Jensen et al., 2024). Assim, a manutenção da diversidade e da funcionalidade da microbiota intestinal representa um importante mecanismo de proteção contra desequilíbrios que podem favorecer a colonização por *Candida sp*.

2.2 Disbiose intestinal: conceitos, causas e consequências

A disbiose intestinal pode ser compreendida como uma alteração da composição, diversidade ou atividade funcional da comunidade microbiana, resultando em desequilíbrio das relações estabelecidas entre os microrganismos e o hospedeiro. Esse fenômeno pode envolver redução de grupos bacterianos associados à proteção, expansão de microrganismos oportunistas ou modificações nas funções metabólicas da comunidade microbiana. Consequentemente, a disbiose não corresponde necessariamente à ausência de determinadas espécies, mas a uma alteração do equilíbrio ecológico e funcional do microbioma intestinal (Song et al., 2025).

Diversos fatores podem interferir na estabilidade da microbiota intestinal, incluindo exposição a antimicrobianos, mudanças alimentares, alterações metabólicas, condições inflamatórias e outros fatores capazes de modificar o ambiente gastrointestinal. Entre esses fatores, o uso de antibióticos apresenta particular importância, pois pode reduzir populações bacterianas responsáveis pela resistência à colonização (Marsaux et al., 2025).

A diminuição dessas comunidades pode proporcionar maior disponibilidade de nutrientes e nichos ecológicos para microrganismos oportunistas, incluindo espécies do gênero *Candida sp*. Evidências experimentais recentes reforçam essa relação. Marsaux et al. (2025), utilizando um modelo de simulação do cólon humano, observaram associação entre a colonização por C. albicans e a redução de bactérias produtoras de acetato e butirato.

Os autores também identificaram alterações na composição microbiana relacionadas à capacidade de estabelecimento do fungo. Esses resultados demonstram que a relação entre *Candida sp* e microbiota intestinal pode ser bidirecional, na medida em que o desequilíbrio

bacteriano pode favorecer a colonização fúngica e, simultaneamente, a presença do fungo pode estar associada a modificações na comunidade bacteriana.

A disponibilidade de ácidos graxos de cadeia curta também parece desempenhar papel importante nesse processo. Hickey et al. (2025) demonstraram, em condições experimentais, que diferentes combinações de acetato, propionato e butirato, representativas de ambientes intestinais saudáveis ou disbióticos, interferem no comportamento de C. albicans.

Os ácidos graxos avaliados modificaram o crescimento do fungo, sua resistência a determinados estresses e a exposição de componentes da parede celular. Esses achados indicam que alterações metabólicas decorrentes da disbiose podem modificar não somente a quantidade de *Candida sp* presente no intestino, mas também determinadas características relacionadas à sua interação com o hospedeiro.

A disbiose também pode comprometer mecanismos de proteção da barreira intestinal e alterar a comunicação entre microbiota e sistema imunológico. Quando ocorre perda da estabilidade ecológica, podem ser modificadas as concentrações de metabólitos, a sinalização imunológica e a interação entre microrganismos e células epiteliais.

Nesse sentido, o desequilíbrio intestinal pode criar um ambiente favorável à persistência de microrganismos oportunistas, embora a presença de disbiose não seja suficiente para explicar isoladamente a ocorrência de candidíase vulvovaginal recorrente (Jensen et al., 2024; Song et al., 2025).

2.3 Candidíase vulvovaginal: aspectos clínicos e microbiológicos

A candidíase vulvovaginal constitui uma infecção fúngica frequente do trato genital feminino, caracterizada principalmente por manifestações como prurido, ardor, eritema, edema vulvar e alterações do corrimento vaginal. A doença ocorre quando espécies do gênero *Candida sp*, que podem estar presentes como componentes da microbiota sem causar manifestações clínicas, passam a apresentar comportamento patogênico em determinadas condições.

Dessa forma, a presença do fungo não significa necessariamente infecção, sendo fundamental considerar a interação entre o microrganismo, o ambiente vaginal e as características imunológicas do hospedeiro (Valentine et al., 2025). *Candida sp* é a principal espécie relacionada à candidíase vulvovaginal. Entretanto, espécies não-albicans, como Candida glabrata, também apresentam importância clínica, principalmente nos casos recorrentes ou de difícil tratamento.

Essas espécies podem apresentar características microbiológicas e perfis de susceptibilidade antifúngica diferentes, tornando necessária uma abordagem diagnóstica mais cuidadosa em determinadas situações (Lobo et al., 2025). A passagem do estado de comensalismo para a condição de patogenicidade depende de múltiplos fatores.

Alterações no microambiente vaginal podem favorecer a adesão do fungo às células epiteliais, sua transição morfológica, formação de biofilmes e produção de fatores capazes de promover dano tecidual. Valentine et al. (2025) destacam que a candidíase vulvovaginal resulta da interação entre hospedeiro, patógeno e microbioma, sendo inadequado compreender a doença exclusivamente a partir da presença de C. albicans.

A microbiota vaginal possui papel importante nesse equilíbrio. Em condições de estabilidade, espécies de Lactobacillus podem contribuir para a manutenção de características ambientais desfavoráveis à proliferação de determinados microrganismos, além de participarem da produção de ácido lático e de outras moléculas com potencial de interferir na colonização microbiana. Alterações nessas comunidades podem modificar o ambiente vaginal e favorecer a interação entre *Candida sp* e o epitélio (Valentine et al., 2025).

Estudos recentes demonstram que pacientes com candidíase podem apresentar diferenças na composição da microbiota vaginal. Liang et al. (2024), ao analisarem mulheres com candidíase vulvovaginal, candidíase recorrente e controles saudáveis, identificaram alterações na composição microbiana e no metaboloma vaginal.

Os autores observaram redução de determinados grupos de Lactobacillus e aumento de bactérias associadas a desequilíbrios da microbiota vaginal. Esses resultados reforçam que a candidíase deve ser analisada dentro de um contexto ecológico mais amplo.

2.4 Candidíase vulvovaginal recorrente

A candidíase vulvovaginal recorrente representa uma condição caracterizada pela repetição dos episódios sintomáticos em determinado período. Lobo et al. (2025) adotam a definição de três ou mais episódios em um intervalo de 12 meses, critério também utilizado nas diretrizes do Centers for Disease Control and Prevention. A recorrência constitui importante problema clínico porque pode comprometer a qualidade de vida, provocar desconforto persistente e exigir tratamentos antifúngicos repetidos.

A ocorrência de episódios recorrentes pode estar associada a diferentes fatores. Entre eles estão alterações da resposta imunológica, características específicas de virulência de *Candida sp*, exposição a antimicrobianos, condições metabólicas, alterações hormonais e modificações da microbiota.

Dessa maneira, a recorrência não pode ser atribuída exclusivamente à presença persistente do fungo, uma vez que diferentes fatores do hospedeiro e do microambiente podem contribuir para o retorno dos sintomas (Lobo et al., 2025).

A revisão sistemática conduzida por Lobo et al. (2025) evidenciou que a recorrência está associada tanto a características do patógeno quanto a alterações na resposta imunológica do hospedeiro. Foram descritas alterações em mecanismos relacionados às respostas Th1/Th17 e Th2/Treg, redução da lectina ligadora de manose, alterações na função de neutrófilos e linfócitos, além de modificações relacionadas ao inflamassoma NLRP3 e a determinados polimorfismos genéticos. Esses achados reforçam a natureza multifatorial da doença.

Outro aspecto importante está relacionado às espécies não-albicans. A presença dessas espécies em episódios recorrentes pode dificultar o tratamento devido a diferenças de susceptibilidade aos antifúngicos. Além disso, a formação de biofilmes e outros mecanismos de adaptação podem contribuir para a persistência do fungo e para a dificuldade de erradicação completa da colonização (Zhu; Guo, 2026).

A recorrência também deve ser diferenciada da simples persistência microbiológica. Uma mulher pode apresentar colonização por *Candida sp* sem sintomas, enquanto a doença sintomática depende da interação entre carga e comportamento do fungo, ambiente vaginal e resposta do hospedeiro. Nesse sentido, a candidíase recorrente pode ser compreendida como resultado de um desequilíbrio persistente ou repetitivo entre esses elementos, e não apenas como consequência da presença contínua do microrganismo.

2.5 Candidíase vulvovaginal por espécies de Candida não-albicans: relação com a recorrência e possibilidades terapêuticas

Embora Candida albicans seja o principal agente etiológico da candidíase vulvovaginal, outras espécies do gênero, classificadas como não-albicans, também apresentam importância clínica, especialmente nos episódios recorrentes ou de difícil tratamento. Entre as espécies mais frequentemente relacionadas a esses quadros destaca-se Candida glabrata, além de Candida krusei, Candida tropicalis e Candida parapsilosis. Essas espécies apresentam características biológicas e perfis de sensibilidade aos antifúngicos diferentes, o que pode interferir na resposta terapêutica e favorecer a persistência da infecção (Lobo et al., 2025).

A participação das espécies não-albicans na candidíase recorrente representa um desafio diagnóstico e terapêutico, uma vez que algumas apresentam menor sensibilidade aos

medicamentos azólicos, especialmente ao fluconazol. A espécie C. glabrata, por exemplo, possui características morfológicas distintas de C. albicans, não formando hifas ou pseudohifas facilmente identificáveis na microscopia convencional.

Além disso, sua identificação pode exigir métodos laboratoriais específicos, como cultura e testes moleculares, principalmente em pacientes com sintomas persistentes ou episódios repetidos. Segundo os *Centers for Disease Control and Prevention* (CDC, 2021), aproximadamente 10% a 20% das mulheres com candidíase vulvovaginal recorrente apresentam infecções associadas a C. glabrata ou outras espécies não-albicans.

Outro aspecto importante é que o isolamento dessas espécies nem sempre representa uma infecção ativa. Algumas mulheres podem apresentar colonização vaginal por espécies não-albicans sem manifestações clínicas significativas. Por esse motivo, é necessário correlacionar os resultados laboratoriais com os sinais e sintomas apresentados, além de investigar outras possíveis causas de desconforto vulvovaginal, evitando tratamentos antifúngicos desnecessários.

Essa avaliação é particularmente relevante nos casos recorrentes, nos quais a identificação correta do agente etiológico contribui para a escolha de uma abordagem terapêutica mais adequada (CDC, 2021). Em relação ao tratamento, as recomendações variam conforme a espécie identificada, a gravidade do quadro, o histórico de tratamentos anteriores e a resposta clínica da paciente. Para candidíases provocadas por espécies não-albicans, o CDC (2021) recomenda, como abordagem inicial, a utilização de esquemas mais prolongados, entre 7 e 14 dias, com antifúngicos azólicos diferentes do fluconazol, por via oral ou intravaginal.

Nos casos de recorrência, pode ser considerada a utilização de ácido bórico intravaginal, na dose de 600 mg diariamente durante três semanas, conforme avaliação e prescrição médica. Essa estratégia apresenta taxas aproximadas de erradicação clínica e microbiológica de 70%, embora não represente uma solução definitiva para todos os casos.

Outras alternativas terapêuticas podem ser consideradas em situações de persistência ou resistência aos tratamentos convencionais, incluindo a nistatina, a anfotericina B e formulações tópicas à base de flucitosina, isoladas ou associadas a outros antifúngicos. Entretanto, essas opções devem ser avaliadas individualmente, preferencialmente com acompanhamento especializado, considerando as características microbiológicas do agente identificado e a disponibilidade dos medicamentos. Ressalta-se que o ácido bórico não deve ser ingerido e não é recomendado durante a gestação, sendo indispensável a orientação profissional para sua utilização.

A recorrência associada às espécies não-albicans também evidencia a importância da identificação laboratorial e, quando indicada, da avaliação da susceptibilidade antifúngica. A repetição de tratamentos sem confirmação do agente etiológico pode contribuir para falhas terapêuticas e dificultar o controle dos sintomas. Dessa forma, Lobo et al. (2025) ressaltam a importância de considerar os fatores relacionados à virulência do fungo e às alterações imunológicas do hospedeiro na compreensão dos episódios recorrentes.

Portanto, a candidíase vulvovaginal provocada por espécies não-albicans constitui uma condição que exige atenção diferenciada, principalmente em razão das particularidades microbiológicas e das possíveis limitações terapêuticas. Sua abordagem deve considerar a confirmação diagnóstica, a identificação da espécie envolvida e a escolha individualizada do antifúngico. Essa compreensão reforça que a recorrência da candidíase não está relacionada exclusivamente à presença de Candida albicans, mas também à participação de outras espécies capazes de persistir no ambiente vaginal e apresentar respostas terapêuticas menos previsíveis.

2.6 Microbiota vaginal e interação com Candida albicans

A microbiota vaginal representa um dos principais componentes envolvidos na manutenção da homeostase do trato genital feminino. Sua composição é dinâmica e pode sofrer influência de fatores hormonais, idade, comportamento, uso de medicamentos e condições fisiológicas. Em condições consideradas equilibradas, espécies de Lactobacillus comumente apresentam papel predominante e contribuem para a manutenção de um ambiente que dificulta a expansão de determinados microrganismos (Valentine et al., 2025).

A interação entre Lactobacillus e *Candida sp* não deve, contudo, ser interpretada de forma simplificada, pois diferentes espécies bacterianas podem apresentar funções distintas. Liang et al. (2024) observaram que Lactobacillus iners apresentou maior presença em mulheres com candidíase vulvovaginal recorrente, demonstrando que a presença do gênero Lactobacillus isoladamente não garante proteção contra a doença. Portanto, é necessário considerar a composição específica da comunidade e suas funções metabólicas.

Alterações na microbiota vaginal podem favorecer a ocorrência da candidíase ao modificar a disponibilidade de nutrientes, a produção de metabólitos e a interação entre o fungo e o epitélio. Liang et al. (2024) identificaram diferenças na composição bacteriana e no metaboloma vaginal entre mulheres saudáveis e aquelas com candidíase, sugerindo que a doença está relacionada a mudanças no ecossistema vaginal.

A interação entre *Candida sp* e as bactérias da microbiota também pode influenciar diretamente a expressão de fatores de virulência. Em determinadas condições, alterações do microambiente podem favorecer a transição do fungo para formas filamentosas e aumentar sua capacidade de aderência e formação de biofilmes. Valentine et al. (2025) destacam que a relação entre *Candida sp*, microbiota e epitélio constitui um sistema dinâmico, no qual alterações em qualquer um dos componentes podem modificar o equilíbrio existente.

Assim, a microbiota vaginal deve ser compreendida como elemento fundamental na proteção contra a candidíase, mas não como um mecanismo absoluto de prevenção. A presença ou redução de determinadas espécies, a produção de metabólitos e a interação com a resposta imune precisam ser avaliadas conjuntamente para compreender por que algumas mulheres permanecem assintomáticas enquanto outras desenvolvem episódios recorrentes.

2.7 Mecanismos de virulência de Candida albicans

Candida sp apresenta características biológicas que permitem sua adaptação a diferentes ambientes do organismo humano. Entre os principais mecanismos associados à sua capacidade de causar doença destacam-se a adesão às células epiteliais, a transição entre formas morfológicas, a formação de biofilmes e a produção de moléculas relacionadas ao dano tecidual. Esses mecanismos são regulados de acordo com as condições ambientais e com as interações postas com o hospedeiro (Fróis-Martins; Lagler; Leibundgut-Landmann, 2024).

A transição entre a forma leveduriforme e a forma filamentosa constitui uma característica particularmente importante da biologia de C. albicans. Embora a capacidade de formar hifas contribua para a invasão e a interação com tecidos, a expressão desses mecanismos é regulada pelo ambiente e pelas respostas do hospedeiro.

Fróis-Martins, Lagler e LeibundGut-Landmann (2024) destacam que características consideradas fatores de virulência também participam do processo de comensalismo, demonstrando que a relação entre fungo e hospedeiro não pode ser reduzida a uma oposição simples entre organismo benéfico e patógeno.

A formação de biofilmes representa outro mecanismo relevante. Os biofilmes são estruturas organizadas nas quais as células fúngicas permanecem associadas a uma matriz extracelular, apresentando características fisiológicas que podem favorecer persistência e maior tolerância às condições ambientais. Essa capacidade possui importância clínica porque pode dificultar a eliminação do microrganismo e contribuir para a persistência de certas infecções.

A candidalisina também participa da interação entre C. albicans e as células epiteliais. Essa molécula está associada à capacidade do fungo de provocar alterações e danos nas células hospedeiras, estimulando respostas inflamatórias. Dessa maneira, a resposta clínica da candidíase resulta não apenas da presença do fungo, mas também da intensidade da interação entre seus fatores de virulência e mecanismos de defesa do hospedeiro (Valentine et al., 2025).

Outro aspecto relevante é que as condições ambientais podem modificar a expressão desses mecanismos. Alterações na microbiota, disponibilidade de nutrientes e composição metabólica do ambiente podem interferir na fisiologia de C. albicans. Estudos sobre os ácidos graxos de cadeia curta explicam, por exemplo, que diferentes condições metabólicas intestinais podem alterar atributos da parede celular e respostas do fungo ao estresse (Hickey et al., 2025).

2.8 Resposta imunológica na candidíase vulvovaginal

A resposta imunológica desempenha papel fundamental na proteção das mucosas contra Candida sp. O reconhecimento do fungo ocorre inicialmente por mecanismos da imunidade inata, envolvendo células epiteliais e componentes celulares capazes de identificar estruturas características do microrganismo. A ativação desses mecanismos desencadeia a produção de mediadores inflamatórios e a mobilização de células responsáveis pelo controle da colonização fúngica (Jensen et al., 2024; Lobo et al., 2025).

Os neutrófilos representam importantes células da resposta contra Candida sp, participando da contenção e eliminação do fungo. Entretanto, a resposta neutrofílica na mucosa vaginal apresenta características particulares. Lobo et al. (2025) demonstram que alterações na função dos neutrófilos podem estar relacionadas à recorrência, indicando que a eficiência da resposta imunológica é relevante para o controle da doença.

A resposta adaptativa também participa da interação com o fungo. Entre as vias mais estudadas está a resposta Th17, associada à produção de citocinas como IL-17 e IL-22. Essas moléculas participam da defesa das mucosas, estimulando mecanismos antimicrobianos, manutenção da barreira epitelial e recrutamento de células efetoras. No ambiente intestinal, a resposta Th17 apresenta importância para o controle de fungos comensais e oportunistas, contribuindo para manutenção do equilíbrio entre microbiota e hospedeiro (Jensen et al., 2024).

Contudo, a proteção contra Candida sp não depende simplesmente de uma resposta imunológica mais intensa. A candidíase vulvovaginal pode envolver respostas inflamatórias

desreguladas, nas quais a própria reação do hospedeiro contribui para o aparecimento dos sintomas. Lobo et al. (2025) identificaram alterações em diferentes eixos imunológicos em pacientes com candidíase recorrente, incluindo relações entre respostas Th1/Th17 e Th2/Treg, além de alterações no inflamassoma NLRP3.

Essa característica demonstra que existe uma diferença entre controlar o microrganismo e desencadear uma inflamação excessiva. A manifestação clínica pode resultar da interação entre a carga e os fatores de virulência do fungo e a intensidade da resposta inflamatória. Valentine et al. (2025) ressaltam que os sintomas da candidíase estão relacionados à complexa interação entre hospedeiro, patógeno e microbioma.

Portanto, alterações imunológicas podem contribuir para a recorrência ao modificar a capacidade do organismo de manter Candida sp sob controle. Da mesma forma, modificações da microbiota intestinal podem interferir na regulação imunológica, criando uma conexão entre o equilíbrio microbiano e a capacidade de resposta das mucosas. Essa relação constitui um dos fundamentos para a investigação do eixo intestino-vagina.

2.9 Microbiota intestinal, imunidade e eixo intestino-vagina

A relação entre microbiota intestinal e sistema imunológico constitui um dos principais mecanismos pelos quais alterações no trato gastrointestinal podem repercutir sobre outros locais do organismo. A microbiota participa da maturação e regulação das respostas imunológicas, enquanto as células do sistema imune influenciam a composição e o comportamento das comunidades microbianas. Esse processo de comunicação é mediado por metabólitos, componentes microbianos e moléculas produzidas pelas células do hospedeiro (Jensen et al., 2024).

Nesse contexto, surge o conceito de eixo intestino-vagina, utilizado para descrever as possíveis interações entre os ecossistemas microbianos intestinal e vaginal. Embora os mecanismos dessa comunicação ainda estejam em investigação, estudos recentes apontam que as microbiotas de diferentes regiões do organismo podem compartilhar microrganismos e características funcionais. A comunicação pode envolver migração microbiana, metabólitos, respostas imunológicas e fatores hormonais (Agoni et al., 2026).

Um possível mecanismo envolve a influência do metabolismo intestinal sobre o ambiente vaginal. Alterações na microbiota intestinal podem modificar a produção e o processamento de metabólitos que, direta ou indiretamente, influenciam outras mucosas. Também existem hipóteses relacionadas ao metabolismo de estrogênios e à consequente

influência sobre o glicogênio vaginal, o ácido lático e as condições de crescimento das comunidades microbianas vaginais.

A comunicação entre intestino e vagina também pode ocorrer por meio da regulação imunológica. Uma microbiota intestinal equilibrada contribui para o funcionamento adequado das barreiras epiteliais e para a regulação de células imunes, enquanto a disbiose pode alterar esses mecanismos. Dessa maneira, alterações intestinais podem potencialmente modificar a capacidade do hospedeiro de controlar microrganismos oportunistas em outros sítios mucosos.

Entretanto, é necessário destacar que o eixo intestino-vagina ainda representa uma área em desenvolvimento. Strydom et al. (2025), ao investigarem conjuntamente amostras vaginais e fecais de mulheres com candidíase vulvovaginal recorrente, observaram que a relação entre Candida intestinal e vaginal não era suficientemente frequente para sustentar a ideia de que um reservatório fecal, isoladamente, explicaria a recorrência.

2.10 Relação entre disbiose intestinal e candidíase vulvovaginal recorrente

A relação entre disbiose intestinal e candidíase vulvovaginal recorrente pode ser compreendida a partir da integração dos mecanismos microbiológicos, metabólicos e imunológicos discutidos anteriormente. A alteração da microbiota intestinal pode reduzir mecanismos de resistência à colonização, modificar a disponibilidade de metabólitos e interferir na regulação imunológica. Em consequência, pode ocorrer maior oportunidade para expansão de C. albicans no trato gastrointestinal e alteração da interação entre o fungo e o hospedeiro (Song et al., 2025; Marsaux et al., 2025).

Os estudos recentes sobre metabólitos reforçam essa possibilidade. Marsaux et al. (2025) encontraram associação entre colonização intestinal por C. albicans e redução de bactérias produtoras de acetato e butirato, enquanto Hickey et al. (2025) demonstraram que diferentes combinações desses metabólitos podem modificar características fisiológicas do fungo. Esses resultados sugerem que a composição e a atividade metabólica da microbiota intestinal podem influenciar o comportamento de *Candida sp*.

Além disso, a microbiota intestinal exerce funções relacionadas à regulação da imunidade. Alterações nesse ecossistema podem modificar a atividade de células e mediadores envolvidos na proteção das mucosas. Como a resposta imune apresenta papel importante no controle de Candida sp, uma alteração na regulação dessas respostas poderia contribuir para maior suscetibilidade à colonização ou respostas inflamatórias impróprias (Jensen et al., 2024). Pode-se ver no Quadro 1 abaixo, possíveis mecanismos de associação.

Quadro 1 – Possíveis Mecanismos de Associação

Disbiose intestinal	Possível repercussão no organismo	Relação com candidíase
Redução da diversidade bacteriana	Desequilíbrio da microbiota intestinal	Pode comprometer mecanismos de resistência à colonização por microrganismos
Alteração de bactérias benéficas	Modificação da produção de metabólitos	Pode influenciar a regulação imunológica
Aumento de microrganismos oportunistas	Alterações na homeostase intestinal	Pode estar associado a processos inflamatórios
Alteração da barreira intestinal	Modificação da interação entre microbiota e sistema imune	Possível influência indireta na resposta imunológica
Uso frequente de antibióticos	Alteração da microbiota intestinal e vaginal	Pode favorecer episódios de candidíase
Alterações imunológicas	Modificação da resposta do hospedeiro	Podem favorecer a persistência dos sintomas

Fonte: Autoria Própria (2026)

Entretanto, a associação entre intestino e vagina não deve ser interpretada como uma relação linear. A candidíase vulvovaginal recorrente é uma condição multifatorial na qual participam características do fungo, microbiota vaginal, imunidade, fatores metabólicos, hormonais e ambientais. Valentine et al. (2025) destacam justamente a importância da interação entre hospedeiro, patógeno e microbioma para a compreensão da candidíase vulvovaginal.

A investigação realizada por Strydom et al. (2025) é particularmente relevante para essa discussão, pois demonstrou que a presença de *Candida sp* no intestino não parece ser suficiente para explicar a recorrência dos episódios vaginais. Os resultados indicam que a hipótese de um reservatório gastrointestinal deve ser considerada dentro de um modelo mais amplo, no qual diferentes fatores atuam conjuntamente.

Por outro lado, evidências experimentais recentes fornecem suporte para a possibilidade de uma influência intestinal sobre a candidíase vaginal. Bai et al. (2026), em modelo experimental, observaram que a administração de Limosilactobacillus fermentum 50 foi associada à redução da carga de C. albicans, alterações na microbiota intestinal e vaginal e modulação de marcadores relacionados à inflamação e à barreira epitelial.

Embora esses resultados sejam relevantes para sustentar a existência de mecanismos relacionados ao eixo intestino-vagina, a utilização de modelo animal impede sua extrapolação direta para pacientes humanas.

Dessa forma, a relação entre disbiose intestinal e candidíase vulvovaginal recorrente deve ser compreendida como uma associação biologicamente plausível, mas ainda não completamente esclarecida em humanos. A disbiose pode representar um fator contribuinte dentro de uma rede de mecanismos que favorecem a persistência ou recorrência da infecção, mas não deve ser considerada, isoladamente, como causa determinante da doença.

2.11 Perspectivas terapêuticas e preventivas

O tratamento da candidíase vulvovaginal recorrente permanece um desafio devido à possibilidade de novos episódios mesmo após o controle inicial da infecção. As estratégias tradicionais são baseadas principalmente no emprego de medicamentos antifúngicos, mas a recorrência, a presença de espécies não-albicans, a formação de biofilmes e o aumento da resistência aos antifúngicos reforçam a precisão de alternativas terapêuticas complementares (Zhu; Guo, 2026).

Nesse cenário, a modulação da microbiota vem sendo investigada como possibilidade para ampliar as estratégias de prevenção e tratamento. A utilização de probióticos, por exemplo, busca favorecer microrganismos capazes de contribuir para o equilíbrio do ambiente vaginal ou intestinal. Entretanto, os resultados ainda apresentam heterogeneidade e não permitem estabelecer uma estratégia probiótica universal para todas as pacientes.

A compreensão do eixo intestino-vagina também abre possibilidades para intervenções direcionadas à microbiota intestinal. Estratégias destinadas à preservação ou recuperação da diversidade bacteriana, à utilização de prebióticos e à modulação de metabólitos podem futuramente apresentar potencial para influenciar a resistência à colonização por Candida sp. Evidências recentes indicam que os ácidos graxos de cadeia curta apresentam capacidade de interferir diretamente na fisiologia de C. albicans, reforçando o potencial da modulação metabólica como campo de investigação (Hickey et al., 2025).

Os resultados obtidos por Bai et al. (2026) também apontam para a possibilidade de estratégias que atuem simultaneamente sobre microbiota, barreira epitelial e inflamação. Contudo, por se tratar de estudo experimental, são necessários estudos clínicos bem controlados para determinar se intervenções semelhantes podem produzir benefícios em seres humanos.

Outra perspectiva importante está relacionada à medicina personalizada. Considerando que a candidíase recorrente apresenta diferenças quanto às espécies de Candida sp, composição da microbiota, fatores imunológicos e características clínicas, abordagens individualizadas podem apresentar maior potencial do que estratégias baseadas

exclusivamente no tratamento antifúngico convencional. Lobo et al. (2025) ressaltam que a identificação de alterações imunológicas e características específicas do hospedeiro pode contribuir futuramente para estratégias terapêuticas mais direcionadas.

Portanto, as perspectivas atuais não apontam necessariamente para a substituição dos antifúngicos, mas para a construção de abordagens integradas que considerem o agente infeccioso, a microbiota e o sistema imunológico. O aprofundamento do conhecimento sobre a relação entre intestino, vagina, microbiota e *Candida sp* poderá contribuir para identificar novos marcadores de risco e desenvolver estratégias preventivas e terapêuticas mais individualizadas.

3 METODOLOGIA

O presente estudo consistiu em uma revisão integrativa da literatura, de abordagem qualitativa, caráter descritivo e exploratório, cujo objetivo foi reunir, analisar e sintetizar evidências científicas sobre a relação entre a disbiose intestinal e a candidíase vulvovaginal recorrente, com ênfase nos mecanismos microbiológicos e imunológicos que influenciam a ocorrência, a persistência e a recorrência das infecções.

O método foi escolhido por permitir integrar estudos experimentais, observacionais e de revisão sobre um fenômeno multifatorial. A revisão seguiu etapas sistematizadas: definição da questão norteadora, estabelecimento dos critérios de inclusão e exclusão, escolha das bases de dados e dos descritores, busca bibliográfica, seleção dos estudos, leitura e avaliação das publicações, extração e organização dos dados e por fim, análise, interpretação e síntese dos resultados.

Essa organização buscou conferir transparência e consistência ao processo e garantir que os estudos incluídos tivessem relação efetiva com o problema e o objetivo da pesquisa. A busca foi realizada nas bases PubMed/MEDLINE, SciELO, Scopus, ScienceDirect e Google Scholar, escolhidas por sua relevância nas áreas de Biomedicina, Microbiologia, Imunologia e Ciências da Saúde e por abrangerem estudos nacionais e internacionais.

O uso de várias bases ampliou a identificação de publicações relevantes e reduziu o risco de perdas decorrentes das diferenças de indexação. Foram usados descritores em português, inglês: “disbiose intestinal”, “microbiota intestinal”, “candidíase vulvovaginal”, “candidíase vulvovaginal recorrente”, “Candida albicans”, “microbiota vaginal”, “resposta imunológica”, “imunidade de mucosas”, além de seus equivalentes em inglês. Eles foram combinados com os operadores booleanos AND e OR, equilibrando abrangência.

Foram incluídos artigos publicados entre 2016 e 2026, em português e inglês, com relação direta com o tema e que abordassem ao menos um dos seguintes aspectos: disbiose intestinal, microbiota intestinal ou vaginal, *C. albicans*, candidíase vulvovaginal, mecanismos de virulência, resposta imunológica ou interação entre microbiota e hospedeiro.

Priorizaram-se publicações dos últimos cinco anos, para garantir evidências atualizadas, mas obras anteriores foram aceitas quando tinham relevância teórica ou metodológica para os conceitos fundamentais. Foram excluídos artigos duplicados, publicações sem relação direta com a questão norteadora, estudos sobre outras formas de candidíase sem vínculo com a vulvovaginal, trabalhos que não mirassem os mecanismos microbiológicos ou imunológicos de interesse e aqueles com informações insuficientes para atender aos objetivos.

A seleção ocorreu em duas fases. Primeiro, títulos e resumos foram analisados e as publicações claramente incompatíveis com o objetivo foram descartadas. Em seguida, os estudos potencialmente relevantes passaram pela leitura do texto completo, avaliando-se sua pertinência, a qualidade das informações e a contribuição para responder à questão norteadora.

Dos estudos elegíveis, extraíram-se de forma sistemática autoria, ano, título, objetivo, desenho metodológico, população ou modelo experimental, principais aspectos microbiológicos e imunológicos e resultados sobre disbiose intestinal, microbiota vaginal e candidíase vulvovaginal recorrente. A análise foi qualitativa: primeiro se identificaram os achados sobre a composição das microbiotas intestinal e vaginal e as alterações associadas à disbiose; depois, as evidências sobre a capacidade de *C. albicans* de colonizar diferentes sítios, a transição entre as formas leveduriforme e filamentosa, a formação de biofilmes e a produção de fatores de virulência.

A interpretação considerou a complexidade da relação entre microbiota, fungo e hospedeiro, analisando a disbiose intestinal como possível fator associado à perda da resistência à colonização, à expansão de *C. albicans*, à alteração na produção de metabólitos e à regulação da resposta imunológica.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise dos estudos selecionados permitiu identificar os principais achados relacionados à interação entre disbiose intestinal, microbiota vaginal, resposta imunológica e candidíase vulvovaginal recorrente. As evidências foram organizadas considerando os

objetivos, métodos, principais resultados e contribuições de cada estudo para a compreensão dos mecanismos microbiológicos e imunológicos envolvidos. A tabela abaixo (Tabela 1) apresenta uma síntese dos estudos utilizados nesta revisão, destacando os aspectos mais relevantes para a discussão da relação entre o equilíbrio da microbiota e a recorrência da candidíase vulvovaginal.

Tabela 1 – Caracterização dos estudos selecionados

Autor/ Ano	**Título**	**Objetivo**	**Metodologia**	**Principais resultados**
Lobo et al. (2025)	Recurrent Vulvovaginal Candidosis and Its Underlying Mechanisms: A Systematic Review	Sintetizar as evidências recentes sobre os mecanismos fisiopatológicos relacionados à candidíase vulvovaginal recorrente.	Revisão sistemática da literatura, com buscas em PubMed, Scopus e Web of Science, contemplando estudos publicados entre 2014 e 2024.	Identificou participação de alterações nas respostas Th1/Th17 e Th2/Treg, neutrófilos, linfócitos, NLRP3, MBL e fatores genéticos na recorrência.
Strydom et al. (2025)	The impact of fluconazole use on the fungal and bacterial microbiomes in recurrent Vulvovaginal Candidiasis (RVVC): a pilot study of vaginal and gastrointestinal site interplay	Investigar a interação entre os microbiomas vaginal e gastrointestinal em mulheres com CVVR submetidas ao uso de fluconazol.	Estudo piloto observacional com análise de microbioma por sequenciamento dos genes 16S rRNA **e** ITS1, utilizando amostras vaginais e fecais.	Mulheres com CVVR em uso intermitente apresentaram maior abundância vaginal de *C. albicans*. Não foram observadas correspondências frequentes entre espécies de *Candida* vaginal e fecal, sugerindo que o reservatório fecal não explique isoladamente a recorrência.
Liang et al. (2024)	Highlight signatures of vaginal microbiota and metabolome contributed to the occurrence and recurrence of vulvovaginal candidiasis	Caracterizar alterações da microbiota e do metaboloma vaginal associadas à ocorrência e recorrência da CVV.	Estudo observacional comparativo com análise metagenômica e metabólica de amostras vaginais.	Foram identificadas diferenças na composição da microbiota e no perfil metabólico entre os grupos, incluindo alterações relacionadas a Lactobacillus e outras bactérias vaginais.

Autor/ Ano	Título	Objetivo	Metodologia	Principais resultados
Song et al. (2025)	Gut bacteria: protective mediators, pathogenic contributors and novel therapeutic targets in *Candida albicans* infections	Analisar o papel das bactérias intestinais nas infecções por *C. albicans*, considerando mecanismos protetores e fatores associados à proliferação fúngica.	Revisão da literatura sobre interações bactéria–fungo, microbiota intestinal, imunidade e infecção por *C. albicans*.	Evidenciou que a microbiota intestinal participa da regulação da colonização e da virulência de *C. albicans*, sendo a disbiose capaz de favorecer alterações no equilíbrio fungo–bactéria e na resposta do hospedeiro.
Marsaux et al. (2025)	Candida albicans colonization in the human colon correlates with a reduction in acetate- and butyrate-producing bacteria, as simulated using the M-SHIME® model	Avaliar as interações entre *C. albicans* e a microbiota bacteriana intestinal em condições eubióticas e disbióticas.	Estudo experimental in vitro, utilizando o modelo de simulação do cólon humano M-SHIME®, com avaliação da microbiota e dos metabólitos.	A colonização por *C. albicans* esteve associada à redução de bactérias produtoras de acetato e butirato. Antibióticos apresentaram efeitos diferentes sobre a colonização fúngica, sendo a perda de determinados grupos bacterianos mais importante que a diversidade bacteriana total.
Hickey et al. (2025)	Effects of Short-Chain Fatty Acid Combinations Relevant to the Healthy and Dysbiotic Gut upon Candida albicans	Avaliar como diferentes combinações de ácidos graxos de cadeia curta, características de ambientes intestinais saudáveis e disbióticos, influenciam *C.* albicans.	Estudo experimental in vitro, avaliando o crescimento e características fenotípicas de *C. albicans* diante de diferentes combinações de ácidos graxos.	As combinações de ácidos graxos alteraram crescimento, resistência ao estresse da parede celular, exposição de β-glucana, quitina e mananas e outras características relacionadas à fisiologia fúngica.
Jensen et al. (2024)	Controlling Candida: immune regulation of commensal fungi in the gut	Revisar os mecanismos imunológicos que controlam fungos comensais no intestino, especialmente Candida.	Minirrevisão da literatura sobre imunidade intestinal, microbiota fúngica e mecanismos antifúngicos.	Destacou a participação da imunidade de barreira, células da imunidade inata e adaptativa, células T, anticorpos, muco e peptídeos antimicrobianos na manutenção de *Candida* em estado comensal.

Autor/ Ano	Título	Objetivo	Metodologia	Principais resultados
Fróis-Martins, Lagler e LeibundGut-Landmann (2024)	Candida albicans Virulence Traits in Commensalism and Disease	Analisar os mecanismos que permitem a *C. albicans* permanecer como comensal ou adquirir características patogênicas.	Revisão narrativa da literatura sobre virulência, comensalismo, microbiota e interação fungo–hospedeiro.	Demonstrou que fatores como formação de hifas e candidalisina não estão necessariamente associados apenas à doença, podendo participar da interação com o hospedeiro e da indução de imunidade homeostática.
Bai et al. (2026)	Limosilactobacillus fermentum 50 alleviates vulvovaginal Candidiasis via the gut-vagina axis: modulating microbiota, barrier function and inflammation	Investigar se a modulação da microbiota intestinal poderia influenciar a candidíase vulvovaginal por meio do eixo intestino-vagina.	Estudo experimental **in vivo**, com modelo animal de candidíase e administração de Limosilactobacillus fermentum 50.	A bactéria apresentou atividade contra *C. albicans*, reduziu formação de hifas e expressão de genes de virulência, incluindo *HWP1*, *ALS3* e *ECE1*, além de modular microbiota, barreira epitelial e inflamação.
Bai et al. (2026)	Limosilactobacillus fermentum 50 alleviates vulvovaginal Candidiasis via the gut-vagina axis...	Avaliar os mecanismos pelos quais a modulação microbiana poderia reduzir a infecção vaginal.	Avaliação experimental da atividade antifúngica, microbiota, barreira epitelial e marcadores inflamatórios.	Houve redução da formação de hifas, diminuição da expressão de genes relacionados à virulência e melhora de parâmetros relacionados à barreira e inflamação vaginal.

Fonte: Elaborada pelo autor (2026).

A análise dos estudos selecionados demonstra que a candidíase vulvovaginal recorrente deve ser compreendida como uma condição multifatorial, resultante da interação entre *Candida sp*, microbiota, barreiras epiteliais e mecanismos imunológicos. Nesse sentido, os estudos analisados convergem para a compreensão de que a presença do fungo não é, isoladamente, suficiente para explicar o desenvolvimento ou a recorrência da doença.

A manutenção do estado comensal ou transição para conduta patogênica depende das condições do microambiente e da resposta do hospedeiro. No ambiente intestinal, a microbiota bacteriana exerce importante função de resistência à colonização fúngica. Song et al. (2025) destacam que as interações entre bactérias e *C. albicans* podem limitar a expansão do fungo por meio da competição por nutrientes, produção de metabólitos e modulação das respostas imunológicas.

Esse entendimento é complementado por Marsaux et al. (2025), que observaram associação entre a colonização intestinal por *C. albicans* e a redução de bactérias produtoras de acetato e butirato. Dessa maneira, a alteração da composição bacteriana pode modificar o ambiente intestinal e favorecer condições que facilitam a persistência ou expansão do fungo.

A importância dos metabólitos microbianos também foi evidenciada por Hickey et al. (2025), que demonstraram que diferentes combinações de ácidos graxos de cadeia curta podem modificar características fisiológicas de *C. albicans*. Esses resultados são relevantes para o presente estudo porque indicam que a disbiose não deve ser compreendida apenas como uma alteração quantitativa na composição bacteriana, mas também como uma alteração funcional do ecossistema intestinal.

A diminuição de determinadas bactérias pode modificar a disponibilidade de metabólitos e, consequentemente, influenciar o comportamento do fungo. No entanto, a relação entre disbiose intestinal e candidíase vulvovaginal recorrente não pode ser interpretada exclusivamente sob a perspectiva microbiológica. Jensen et al. (2024) demonstram que a interação entre *C. albicans* e o hospedeiro envolve mecanismos complexos de imunidade intestinal.

A barreira epitelial, o muco, os peptídeos antimicrobianos e as células da imunidade inata e adaptativa contribuem para limitar a expansão do fungo. Assim, alterações da microbiota podem interferir indiretamente na capacidade do organismo de controlar a colonização fúngica. Essa relação torna-se ainda mais relevante quando se considera a resposta imunológica associada à CVVR.

Lobo et al. (2025) identificaram diferentes mecanismos associados à recorrência, incluindo alterações nas respostas Th1/Th17 e Th2/Treg, participação de neutrófilos e linfócitos e ativação de mecanismos inflamatórios, como o inflamassoma NLRP3. Esses achados indicam que a recorrência não depende apenas da quantidade de *Candida sp* presente, mas também da forma como o sistema imunológico reconhece e responde ao fungo.

Do ponto de vista microbiológico, Fróis-Martins, Lagler e LeibundGut-Landmann (2024) ressaltam a capacidade de *C. albicans* de permanecer como comensal ou assumir características patogênicas de acordo com as condições ambientais e imunológicas. A formação de hifas, a produção de candidalisina e outros mecanismos de virulência podem favorecer a adesão, colonização e dano às células epiteliais. Portanto, alterações na microbiota que modifiquem o ambiente em que *Candida sp* se encontra podem contribuir para a mudança do equilíbrio entre comensalismo e patogenicidade.

A microbiota vaginal representa outro componente fundamental nessa relação. Liang et al. (2024) identificaram diferenças na composição microbiana e no perfil metabólico vaginal entre mulheres saudáveis e aquelas com CVV ou CVVR. A redução de determinados microrganismos protetores, especialmente espécies de Lactobacillus, pode comprometer mecanismos relacionados à manutenção da homeostase vaginal. Esses achados demonstram que a recorrência da candidíase também está relacionada às características do próprio ambiente vaginal, não podendo ser atribuída exclusivamente a alterações intestinais.

Nesse contexto, o estudo de Strydom et al. (2025) apresenta particular importância para o presente TCC, pois avaliou conjuntamente os microbiomas vaginal e gastrointestinal de mulheres com CVVR. Apesar de identificar alterações nos microbiomas das participantes, os autores não observaram correspondência frequente entre as espécies de *Candida sp* presentes nos ambientes gastrointestinal e vaginal.

Esse resultado relativiza a hipótese de que o intestino funcione necessariamente como fonte direta das recorrências e demonstra que a relação entre os dois ambientes é mais complexa. Assim, a disbiose intestinal deve ser compreendida como um possível elemento participante de uma rede de interações, e não como causa única da CVVR.

Por outro lado, os resultados experimentais apresentados por Bai et al. (2026) fornecem evidências favoráveis à existência de mecanismos de comunicação entre microbiota intestinal e ambiente vaginal. A modulação da microbiota por Limosilactobacillus fermentum 50, em modelo animal, esteve associada à redução da carga de C. albicans, diminuição da formação de hifas e melhora de parâmetros relacionados à barreira e inflamação vaginal.

Embora esses resultados sejam promissores, devem ser interpretados com cautela, uma vez que foram obtidos em modelo experimental e ainda necessitam de confirmação em estudos clínicos com seres humanos. De maneira geral, os estudos selecionados permitem compreender que a relação entre disbiose intestinal e candidíase vulvovaginal recorrente provavelmente ocorre por meio de múltiplos mecanismos interdependentes.

A alteração da microbiota intestinal pode modificar a competição microbiana, a produção de metabólitos e o controle da colonização por C. albicans. Paralelamente, alterações na imunidade intestinal podem influenciar a capacidade do hospedeiro de manter o fungo em estado comensal. Essas modificações podem coexistir com alterações da microbiota vaginal e da resposta imunológica local, criando condições favoráveis à manifestação ou manutenção dos episódios recorrentes.

Portanto, as evidências analisadas sustentam a existência de uma associação biologicamente plausível entre microbiota intestinal, microbiota vaginal, imunidade e

candidíase vulvovaginal recorrente, mas não permitem estabelecer que a disbiose intestinal, isoladamente, seja responsável pela doença. A literatura mais recente aponta para uma relação multifatorial, na qual alterações microbianas, fatores do hospedeiro, mecanismos imunológicos e características de virulência de C. albicans atuam conjuntamente.

5 CONSIDERAÇÕES FINAIS

A revisão analisou a relação entre a disbiose intestinal e a candidíase vulvovaginal recorrente (CVVR), considerando os mecanismos imunológicos e microbiológicos envolvidos. Verificou-se que a relação é complexa e multifatorial, resultante da interação entre a microbiota intestinal, a microbiota vaginal, o sistema imune do hospedeiro e a virulência de Candida albicans. A problemática foi respondida ao se identificar que alterações na composição e na função da microbiota intestinal podem comprometer a homeostase microbiana e imunológica e favorecer a persistência de Candida sp., embora não seja possível afirmar que a disbiose, isoladamente, cause a ocorrência ou a recorrência da doença.

A microbiota intestinal contribui para a resistência à colonização por oportunistas, a integridade da barreira intestinal e a modulação imune. Na disbiose, mudanças na diversidade e nos metabólitos, como os ácidos graxos de cadeia curta (acetato, propionato e butirato), podem favorecer a expansão do fungo, mas sua presença no intestino não explica, por si só, a recorrência. No ambiente vaginal, a predominância de Lactobacillus protege contra patógenos, e a alteração dessas comunidades favorece a colonização e a expressão de virulência (hifas, biofilmes, adesão e dano tecidual).

Imunologicamente, participam células epiteliais, neutrófilos, macrófagos, o sistema complemento e as vias Th17, IL-17 e IL-22; respostas inflamatórias exacerbadas ou mal reguladas contribuem para os sintomas e para o dano tecidual. Assim, o objetivo foi alcançado, e o eixo intestino-vagina surge como perspectiva relevante para compreender essa interação. Contudo, os estudos ainda apresentam diferenças metodológicas e limitações para demonstrar causalidade, sobretudo os realizados em modelos animais ou in vitro.

A disbiose deve ser vista como um dos fatores de uma rede que inclui uso de antimicrobianos, alterações metabólicas e hormonais, características imunológicas individuais, microbiota vaginal e virulência de *Candida sp*. Conclui-se que há uma relação biologicamente plausível e potencialmente relevante entre disbiose intestinal e CVVR, mediada por mecanismos microbiológicos, metabólicos e imunológicos, mas as evidências atuais não permitem afirmar que a disbiose seja determinante isoladamente.

REFERÊNCIAS

AGONI, L. *et al.* The gut–vagina axis. **Microorganisms**, v. 14, n. 6, p. 1327, 2026. DOI: https://doi.org/10.3390/microorganisms14061327.

ALVES, R. *et al.* The ATO gene family governs Candida albicans colonization in the dysbiotic gastrointestinal tract. **mBio**, v. 16, n. 10, e01644-25, 2025. DOI: https://doi.org/10.1128/mbio.01644-25.

BAI, X. *et al.* Limosilactobacillus fermentum 50 alleviates vulvovaginal candidiasis via the gut-vagina axis: modulating microbiota, barrier function and inflammation. **Food & Function**, v. 17, p. 3794-3805, 2026. DOI: https://doi.org/10.1039/D6FO00049E.

CENTERS FOR DISEASE CONTROL AND PREVENTION (CDC). Vulvovaginal candidiasis. In: **Sexually Transmitted Infections Treatment Guidelines, 2021**. Atlanta: CDC, 2021. Disponível em: https://www.cdc.gov/std/treatment-guidelines/candidiasis.htm. Acesso em: 14 set. 2026.

DENNING, D. *et al.* Global burden of recurrent vulvovaginal candidiasis. **The Lancet Infectious Diseases**, v. 18, n. 11, p. e339-e347, 2018.

FERRAZZA, M. *et al.* Species distribution and antifungal susceptibility profile of Candida species in vulvovaginal candidiasis. **Brazilian Journal of Microbiology**, v. 50, p. 111-118, 2019.

FRÓIS-MARTINS, R.; LAGLER, J.; LEIBUNDGUT-LANDMANN, S. Candida albicans virulence traits in commensalism and disease. **Current Clinical Microbiology Reports**, v. 11, p. 231-240, 2024. DOI: https://doi.org/10.1007/s40588-024-00235-8.

GAZIANO, R. *et al.* The interplay between Candida albicans, vaginal mucosa and host immunity. **Microorganisms**, v. 11, n. 5, 2023.

GULATI, M.; NOBILE, C. Candida albicans biofilms: development, regulation, and molecular mechanisms. **Microbes and Infection**, v. 18, n. 5, p. 310-321, 2016.

HICKEY, E. *et al.* Effects of short-chain fatty acid combinations relevant to the healthy and dysbiotic gut upon Candida albicans. **Current Microbiology**, v. 82, p. 420, 2025. DOI: https://doi.org/10.1007/s00284-025-04400-0.

ILIEV, I. *et al.* Effects of intestinal fungi and viruses on immune responses. **Nature Reviews Immunology**, v. 20, 2020.

JENSEN, O. *et al.* Controlling Candida: immune regulation of commensal fungi in the gut. **Infection and Immunity**, v. 92, n. 9, e00516-23, 2024. DOI: https://doi.org/10.1128/iai.00516-23.

KALIA, N.; SINGH, J. Gut microbiota and its role in recurrent vulvovaginal candidiasis. **Journal of Fungi**, v. 8, n. 6, 2022.

LIANG, Y. *et al.* Highlight signatures of vaginal microbiota and metabolome contributed to the occurrence and recurrence of vulvovaginal candidiasis. **Microbiology Spectrum**, v. 12, n. 12, e01521-24, 2024. DOI: https://doi.org/10.1128/spectrum.01521-24.

LOBO, M. *et al.* Recurrent vulvovaginal candidosis and its underlying mechanisms: a systematic review. **Journal of Fungi**, v. 11, n. 5, p. 357, 2025. DOI: https://doi.org/10.3390/jof11050357.

MACENA, M. *et al.* Intestinal dysbiosis and its correlations with recurrent vulvovaginal candidiasis. **Research, Society and Development**, v. 11, 2022.

MARSAUX, B. *et al.* Candida albicans colonization in the human colon correlates with a reduction in acetate- and butyrate-producing bacteria, as simulated using the M-SHIME® model. **Biofilms and Microbiomes**, v. 11, p. 176, 2025. DOI: https://doi.org/10.1038/s41522-025-00803-w.

MILES, M. R.; OLSEN, L.; ROGERS, A. Recurrent vaginal candidiasis: importance of an intestinal reservoir. **JAMA**, v. 238, n. 17, p. 1836-1837, 1977. DOI: https://doi.org/10.1001/jama.238.17.1836.

MITCHELL, C. *et al.* The vaginal microbiota and reproductive health. **Nature Reviews Microbiology**, v. 19, p. 733-748, 2021.

PAPON, N.; VAN DIJCK, P. A complex microbial interplay underlies recurrent vulvovaginal candidiasis pathobiology. **mSystems**, v. 6, 2021.

PETERS, B. *et al.* Fungal interactions and mechanisms of pathogenicity in vulvovaginal candidiasis. **Infection and Immunity**, v. 82, n. 10, p. 3951-3963, 2014.

RAVEL, J. *et al.* Vaginal microbiome of reproductive-age women. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 108, n. 1, p. 4680-4687, 2011.

RODRIGUEZ, E. *et al.* Type-I interferons in vulvovaginal candidiasis: mechanism of epithelial early defense and immune regulation against Candida albicans. **Mucosal Immunology**, v. 18, n. 5, p. 1124-1138, 2025. DOI: https://doi.org/10.1016/j.mucimm.2025.07.001.

SCHILLE, T. *et al.* Commensalism and pathogenesis of Candida albicans at the mucosal interface. **Nature Reviews Microbiology**, v. 23, p. 525-540, 2025. DOI: https://doi.org/10.1038/s41579-025-01174-x.

SOBEL, J. Recurrent vulvovaginal candidiasis. **American Journal of Obstetrics and Gynecology**, v. 214, n. 1, p. 15-21, 2016.

SOBEL, J.; NYIRJESY, P. Management of recurrent vulvovaginal candidiasis. **Clinical Infectious Diseases**, v. 72, n. 9, p. 1533-1538, 2021.

SONG, J. *et al.* Gut bacteria: protective mediators, pathogenic contributors and novel therapeutic targets in Candida albicans infections. **Gut Pathogens**, v. 17, p. 77, 2025. DOI: https://doi.org/10.1186/s13099-025-00755-8.

STRYDOM, M. *et al.* The impact of fluconazole use on the fungal and bacterial microbiomes in recurrent vulvovaginal candidiasis (RVVC): a pilot study of vaginal and gastrointestinal site interplay. **European Journal of Clinical Microbiology & Infectious Diseases**, v. 44, n. 2, p. 285-301, 2025. DOI: https://doi.org/10.1007/s10096-024-04999-1.

VALENTINE, M. *et al.* Vaginal Candida albicans infections: host–pathogen–microbiome interactions. **FEMS Microbiology Reviews**, v. 49, fuaf013, 2025. DOI: https://doi.org/10.1093/femsre/fuaf013.

VIANA, B. *et al.* Relação entre candidíase vulvovaginal recorrente e disbiose intestinal. **Revista Eletrônica Acervo Saúde**, v. 24, n. 3, 2024.

WILLEMS, H. *et al.* Vulvovaginal candidiasis: a current understanding and burning questions. **Journal of Fungi**, v. 6, n. 1, 2020.

XIE, H. *et al.* Probiotics for vulvovaginal candidiasis in non-pregnant women. **Cochrane Database of Systematic Reviews**, 2017.