

A influência genética na candidíase vulvovaginal recorrente

Ludmylla Stochera
UNAERP – SP

RESUMO

A Candidíase é uma infecção da vulva que gera uma das principais queixas clínicas na ginecologia: o corrimento. Ela pode se apresentar de forma recorrente, tendo um quadro com 3 ou mais episódios no ano. Esse trabalho tem o objetivo de analisar a influência genética sobre a candidíase vulvovaginal recorrente (CVVR). Este é um estudo descritivo, feito por meio de uma revisão bibliográfica nas plataformas PubMed e Scielo. A candidíase é uma infecção fúngica causada pela *Candida albicans* e sua apresentação clínica cursa com corrimento grumoso, como queijo cottage, aderido às paredes vaginais, sem odor e com intenso prurido vulvar, além de erupção cutânea, ardor, e teste das aminas negativo, o pH é ácido e tem pseudohifas ao microscópio. A epidemiologia é caracterizada por aproximadamente 75% das mulheres apresentando pelo menos um episódio de candidíase vulvovaginal (CVV) durante a vida e, mais ou menos 5-8% das mulheres apresentando episódios de CVVR. Além disso, nenhuma cepa distinta de *C. albicans* foi descrita nas pacientes, dando argumentos contra fatores microbiológicos como determinante de CVV. Assim temos a hipótese de que fatores genéticos do hospedeiro podem ser um componente importante que determina a suscetibilidade a RVVC. Estudos recentes revelam que pode ser por mutações no gene CARD9. Esse gene codifica proteína do grupo CARD, que está relacionada à apoptose celular e ao papel da resposta celular fúngica, ativando a cascata imunológica. Portanto, as mutações no gene CARD9 podem ser uma causa de predisposição a infecções fúngicas em pacientes sem imunodeficiências conhecidas e que apresentam casos de candidíase vulvovaginal de repetição.

Palavras-chave: Candidíase, Vulvovaginal, Recorrente, Genética.