



ALTERAÇÕES DA MICROBIOTA INTESTINAL EM PACIENTES HIV POSITIVO E SUA RELAÇÃO COM A COLONIZAÇÃO POR CANDIDA ALBICANS

Dérica Leandra Santana de Aquino 1, Jessica Pereira Barbosa 2,A

¹Graduanda em Biomedicina, Universidade Paulista (UNIP). Goiânia – Goiás, Brasil, 2026.

²Nutricionista, CRN1 14480, mestre e doutora em nutrição e saúde, com especialização em microbiologia clínica – Goiânia – Goiás, Brasil, 2026.

RESUMO

A microbiota intestinal é estabelecida desde o nascimento e exerce papel essencial na manutenção da homeostase e na modulação da resposta imunológica. Em indivíduos com HIV, alterações nesse ecossistema são frequentemente observadas, sobretudo na microbiota oral, embora existam evidências ainda limitadas na literatura sobre possíveis alterações também no ambiente intestinal, o que indica uma lacuna. Essas alterações podem favorecer a colonização de micro-organismos oportunistas, como *Candida albicans*, neste contexto, a *Candida albicans*, embora faça parte da microbiota comensal, pode tornar-se patogênica em condições favoráveis, podendo contribuir para o processo inflamatório e desequilíbrio do ambiente microbiano. Este estudo teve como objetivo demonstrar as alterações na microbiota intestinal provocada pelo HIV e a consequente colonização de *Candida albicans*. Foi realizada uma revisão integrativa da literatura, composta por artigos nos idiomas inglês e português publicados nos últimos dez anos nas bases de dados Pubmed e SciELO. A partir da pesquisa, foi possível detectar a prevalência de *Candida albicans* em pacientes vivendo com HIV, bem como a presença de alterações na microbiota intestinal. Portanto o presente trabalho atingiu o objetivo ao evidenciar alterações na microbiota fúngica intestinal, correlacionadas com o aumento de *Candida albicans*, associadas ao comprometimento do sistema imunológico.

Palavras-chave: microbiota intestinal; infecção HIV; *Candida albicans*; diarreia; GALT.

ABSTRACT

The intestinal microbiota is established from birth and plays an essential role in maintaining homeostasis and modulating the immune response. In individuals with HIV, alterations in this ecosystem are frequently observed, especially in the oral microbiota, although there is still limited evidence in the literature regarding possible alterations also in the intestinal environment, which indicates a gap. These alterations may favor the colonization of opportunistic microorganisms, such as *Candida albicans*; in this context, *Candida albicans*, although part of the commensal microbiota, may become pathogenic under favorable conditions,

A. Autor Correspondente: Jessica Pereira Barbosa – E-mail: jessica.barbosa62@docente.unip.br – ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-8675-0341>

DOI: <https://doi.org/10.46675/rbcm.v7i1.122> - Artigo recebido em: 01 de agosto de 2026; aceito em 04 de agosto de 2026; publicado 10 de agosto de 2026 na Revista Brasileira de Ciências Biomédicas, disponível online em www.rbcm.com.br. Todos os autores contribuíram igualmente o artigo. Os autores declaram não haver conflito de interesse Este é um artigo de acesso aberto sob a licença CC - BY: <http://creativecommons.org/licenses/by/4.0>.

potentially contributing to the inflammatory process and imbalance of the microbial environment. This study aimed to demonstrate the alterations in the intestinal microbiota caused by HIV and the consequent colonization by *Candida albicans*. An integrative literature review was carried out, consisting of articles in English and Portuguese published in the last ten years in the PubMed and SciELO databases. From the research, it was possible to detect the prevalence of *Candida albicans* in patients living with HIV, as well as the presence of alterations in the intestinal microbiota. Therefore, the present study achieved its objective by evidencing alterations in the intestinal fungal microbiota, correlated with the increase of *Candida albicans*, associated with impairment of the immune system.

Keywords: microbiota intestinal; HIV infection; *Candida albicans*; diarrhea; GALT.

INTRODUÇÃO

A microbiota é estabelecida no indivíduo desde o nascimento, por meio de alguns fatores que influenciam na formação dessa microbiota, como modo do parto, dieta e idade [1]. A microbiota intestinal é composta por um conjunto de micro-organismo que constituem um ecossistema, sendo eles, bactéria, fungos, vírus e arqueas, que em conjunto com o hospedeiro realizam o processo de mutualismo, onde ambos se beneficiam [2]. Uma das funções atribuídas à microbiota intestinal é a modulação do sistema imunológico, atuando na proteção do lúmen e das mucosas contra micro-organismos oportunista, além de participar na maturação do tecido linfóide do intestino [2].

O GALT (gut-associated lymphoid tissue) é o tecido linfóide associado ao intestino, sendo responsável por cerca de 70% do sistema imunológico, tendo como função ativação da resposta imunológica contra agentes estranhos e na regulação de agentes comensais, por meio de liberações de mediadores [3]. Bem como a IgA promovendo o equilíbrio da microbiota através da regulação da resposta inflamatórias principalmente contra bactérias comensais [4].

As IST, como a AIDS, podem estar relacionadas a alterações na microbiota intestinal, em decorrência dos danos causados pelo vírus à barreira gastrointestinal, provocada pela diminuição e disfunção das células imunológica as quais promovem um equilíbrio na microbiota intestinal [5].

O Vírus da imunodeficiência humana, descoberto nos anos 80, é um retrovírus do gênero *Lentivirus*, possui dois tipos, HIV-1 e HIV-2, sendo o HIV-1 o mais virulento e com maior transmissibilidade, enquanto o HIV-2 é mais encontrado na África Ocidental e pouco virulento [6]. Levantamento feito pelo Ministério da Saúde [7] registou-se em 2023 cerca de 39,9 milhões de pessoas vivendo com HIV em escala mundial, com isso Bhowmik; Biswas [8] associaram que o aumento das incidências de HIV na população esteja ligado a falta de conhecimento na prevenção principalmente em mulheres da zona rural.

O HIV possui várias vias de transmissão, tanto por contato sexual, via vertical e inoculação percutânea, que favorece a disseminação do vírus [9]. A sintomatologia do vírus são faringites, linfadenopatia, dores musculares e piroxia que se assemelham a mononucleose, os aparecimentos dos sintomas surgem 28 dias.

Após a infecção [10]. O HIV possui em seu genoma molécula de RNA logo utiliza-se mecanismo de transcrição reversa para

integrar seu material na célula hospedeira e promover a infecção [6]. A infecção é iniciada através da ligação com receptor CD4+ e os correceptores, CCR5 e CXCR4 que facilitam a entrada do vírus na célula [10].

Com isso, Nwosu et al. [11] relatou que na fase inicial da infecção pelo HIV, o GALT torna-se alvo principal do vírus por concentrar cerca de 60% de células TCD4+, levando a um comprometimento da homeostasia entre a microbiota e o sistema imunológico, acarretando a um quadro de disbiose provocada pela diminuição dessas células [12]. Para Renault et al. [13] a célula Th17 apresenta papel crucial para o indivíduo, contribuindo na resposta imunológica contra bactéria e fungos nas mucosas, porém essas células acabam sendo alvo do vírus por possuírem os receptores e correceptores, CD4+, CCR5, CXCR4 e $\alpha\beta7$, levando a depleção em massa nas mucosas intestinais.

Os impactos causados nessas células resultam em uma deficiência imunológica, tornando o paciente susceptível a infecção oportunista bem como a candidíase [14], já que para Bacher et al. [15] as células Th17 em humanos desempenha papel fundamental na proteção da infecção por *Candida albicans*. Embora a *Candida albicans* seja um fungo comensal e, que faz parte da microbiota intestinal [16], em ambientes favoráveis pode se tornar um patógeno oportunista [14], devido à quebra da barreira epitelial e na desregulação do sistema imunológico [17].

Logo isolaram-se espécie de *Candida albicans* em paciente com HIV assintomático, reforçando o papel oportunista desta, embora não se observou a expressão da forma virulenta, o autor reforça que durante a infecção pelo HIV, o crescimento exacerbado de *Candida albicans* pode levar a formação de hifas e biofilmes, danificando a integridade da mucosa intestinal, resultando em síndrome do intestino permeável facilitando a translocação microbiana e ativação anormal do sistema imunológico deteriorando mais a imunidade desses indivíduos [18].

Desse modo, o trabalho teve como objetivo demonstrar as alterações na microbiota intestinal provocada pelo HIV e a consequente colonização de *Candida albicans*, o que reforçar ainda mais os impactos em pacientes imunocomprometidos, levando a riscos na saúde e comprometimento no estilo de vida.

METODOLOGIA

O trabalho foi uma revisão integrativa da literatura, definida

como um método que reúne estudos relevantes, tendo como importância nas tomadas de decisão, melhoria na prática clínica e na identificação de lacunas na literatura científica (Coriolano-Marinus et al., 2014).

Os artigos foram filtrados dos últimos 10 anos, nos idiomas português e inglês, foram incluídos ensaios clínicos e ensaios

experimentais, com ênfase em estudos clínicos e em estudos realizados em humanos de ambos os sexos.

A seleção dos artigos foi realizada inicialmente pela leitura dos títulos, e foram excluídos artigos com duplicidades de dados, estudos em crianças, pacientes com doenças não relacionada ao HIV e artigos com idiomas que não seja português e inglês.

Tabela 1. Síntese da metodologia utilizada na pesquisa bibliográfica.

Base de dados	Palavras-chave	Filtros	Nº de artigos recuperados	Nº de artigos recuperados após leitura dos títulos	Nº de artigos recuperados após leitura dos resumos	Nº de artigos recuperados após leitura dos artigos na íntegra	Nº de artigos selecionados	Referência selecionasse
Pubmed	(Infection HIV) AND (Candida albicans) AND (Gut)	Ano: 2010 – 2026	7	1	1	1	1	Li et al. (2024)
	(AIDS) AND (Candida) AND (Gut)	Ano: 2010 – 2026	8	2	2	2	2	Hamad et al. (2018)
	(Gut microbiota) AND (Candida albicans) AND (HIV)	Ano: 2010 – 2026	0	0	0	0	0	-
	(Intestinal fungi) AND (HIV) AND (Dysbiosis)	Ano: 2010 – 2026 Tipo de artigo: Estudo observacional	2	0	0	0	0	-
	(Microbial translocation) AND (Candida) AND (Infection HIV)	Ano: 2016 – 2026 Tipo de artigo:	3	0	0	0	0	-
	(opportunistic infection) AND (Gut) AND (HIV)	Ano: 2016 – 2026 Tipo de artigo: Estudos observacional	0	0	0	0	0	-
	(Intestinal mucosa) AND (AIDS) AND (Candida)	Ano: 2022 – 2026 Tipo de artigo: Estudo observacional	0	0	0	0	0	-
Google acadêmico	(Gut microbiota) AND (HIV) AND (Candida)	Ano: 2016 – 2026 Tipo de artigo: Estudos observacional	37	0	0	0	0	-
	(Infection Candida albicans) AND (HIV) AND (Gut)	Ano: 2016 – 2026 Tipo de artigo: Estudos observacional	34	0	0	0	0	-
SciELO	(HIV OR AIDS) AND (Diarrhea) AND (Enteropathogens)	Ano: Tipo de artigo:	1	1	1	1	1	Pupulin et al. (2009)

ScienceDirect	(Gut microbiota) AND (HIV) AND (Candida)	Ano: 2016-2026 Tipo de artigo: Artigos de pesquisa	137	0	0	0	0	-
	(AIDS OR HIV) AND (Candida albicans) AND (intestinal mucosa)	Ano: 2022 – 2026 Tipo de artigos: Artigos de pesquisa	12	0	0	0	0	-

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Ao final da busca, foram selecionados 4 artigos. Os estudos abrangeram um total de 171 participantes, sendo a média de idade 38,17 anos. Em relação a distribuição geográfica, 75% dos estudos foram realizados na China, enquanto 25% foram realizados no Brasil. Os artigos selecionados foram publicados em um intervalo de tempo de 15 anos, entre 2009 a 2024. Os estudos incluíram pacientes de ambos os sexos, infectados pelo HIV, em diferentes estágios da infecção, pacientes não AIDS, AIDS e na fase assintomática.

As amostras analisadas foram fezes frescas e coletadas em dias alternados com a quantidade variada entre 1 g a 5 g. A maioria dos pacientes estava em uso de terapia antirretroviral (TARV), e com ausência do uso de outros tipos de medicamentos, como

antibióticos, probióticos e antiparasitários. Em relação a condições clínicas, alguns indivíduos apresentavam quadros diarreicos ou manifestavam episódios de diarreia [19], enquanto outros eram assintomáticos [18] e outros sem especificação [20-21].

Em relação a identificação dos micro-organismos, os estudos utilizaram diferentes técnicas de biologia molecular, incluindo sequenciamento de alto rendimento ITS1 e ITS2, cadeia da polimerase (PCR) e RT-QPCR. A detecção fúngica evidenciou a presença do gênero *Candida* em todos os estudos selecionados. No entanto três dos estudos selecionados [18-20], realizaram a identificação apenas em nível de espécie, destacando *albicans* como a espécie em abundância na microbiota intestinal dos pacientes com HIV, bem como alteração na composição da microbiota fúngica desses pacientes.

Tabela 2. Síntese da metodologia utilizada na pesquisa bibliográfica.

Referência e país	Tipo de estudo	Nº amostral	Tipo de amostra e quantidade	Objetivo	Caracterização da amostra	Método de identificação	Deteção fúngica	Principais resultados
Pupulin et al., 2009 (Brasil)	Observacional transversal	Total: 49 GI: 49	Fezes 3 amostras em dias alternados	Avaliou enteropatógenos relacionados a diarreia em pacientes HIV/AIDS considerando a inexistência de um estudo regional.	Paciente de ambos os sexos, 22 a 56 anos, em tratamento com antirretroviral, na fase AIDS e não AIDS, com quadro diarreico ou episódios de diarreia.	Reação em cadeia da polimerase (PCR)	Detectou 7,6% de <i>Candida</i> sp., e 61,5% de <i>Candida albicans</i> na microbiota de pacientes com HIV	Observou um aumento significativo de <i>Candida albicans</i> em amostras fecais de pacientes com HIV, além de bactérias entéricas.
Hamad et al., 2018 (China)	Observacional transversal	Total: 43 GI: 31 GC: 12	Fezes 1g	Avaliar a composição e a diversidade da microbiota intestinal eucariótica em pacientes infectados pelo HIV, comparando-os com indivíduos saudáveis, bem como analisar a influência de diferentes metodologias moleculares nos resultados obtidos.	Pacientes de ambos os sexos, média de idade 28-45 anos, pacientes infectados pelo HIV, nenhum tratamento com antibióticos, antifúngicos, antiparasitários.	Sequenciamento de alto rendimento de ITS1 e ITS2, Sequenciamento de clones e PCRs	<i>Candida albicans</i> com maior abundância em pacientes com HIV, tanto nas análises ITS1 e ITS2.	Observou diferença na composição fúngica entre pacientes com HIV e saudáveis, com maior diversidade no grupo controle e aumento de espécie como <i>Candida albicans</i> e <i>Candida tropicalis</i> no grupo HIV, sem diferença na riqueza e com alta heterogeneidade entre as amostras.

Li et al., 2024 (China)	Coorte	Total: 26 GI: 13 GC: 13	Fezes frescas 1g	Explorar a relação entre a comunidade fúngica e os danos precoces na barreira mucosa intestinal em pacientes assintomáticos infectados pelo HIV.	Pacientes do sexo masculino, de 18 a 60 anos, em fase assintomática da infecção pelo HIV, ausência de doenças gastrointestinais crônicas, diarreias e dor abdominal nos últimos meses, ausência de uso de antibióticos e probióticos, em tratamento com antirretroviral por pelo menos 1 ano, livres de outras doenças sexualmente transmissíveis.	Sequenciamento de alto rendimento de ITS1, RT-q-PCR	Observou-se em nível de gênero aumento de 3,21% <i>Candida</i> sp. no grupo HIV, em relação a espécie 2,84% <i>Candida albicans</i> no grupo com HIV, enquanto 0,14% nos saudáveis.	Evidenciou que, em comparação ao grupo HC, pacientes com HIV na fase assintomática apresentaram uma abundância de <i>Candida albicans</i> na microbiota, com alteração na composição fúngica, não foram observadas diferenças significativas na diversidade alfa e beta fúngica quando compararam os dois grupos
Meng et al., 2024 (China)	Observacional transversal	Total 53 GI: 41 GC: 12	Fezes 5g	Caracterizar as diferenças nas comunidades fúngicas intestinais, na função imunológica e nos fatores inflamatório entre pessoas vivendo com HIV e indivíduos saudáveis analisando suas correlações.	Pacientes que convivem com HIV/AIDS (PVHA) de ambos os sexos, média por idade 51,17 para saudáveis e 47,65 para PVHA, em tratamento com antirretroviral, nenhum uso de antibióticos para ambos grupos.	Sequenciamento de alto rendimento ITS1, Sequenciamento de clone,	Observou-se um aumento significativo do gênero <i>Candida</i> e <i>Xeromyces</i> na microbiota do grupo com HIV em comparação ao grupo saudáveis.	O estudo encontrou mudanças significativas nas comunidades fúngicas, com um aumento no gênero de <i>Candida</i> e <i>Xeromyces</i> em pacientes que vivem com HIV, não houve diferença significativa na diversidade alfa entre os grupos, ao passo que a diversidade beta demonstrou uma alteração na diversidade entre os grupos.

Os achados dos estudos realizados por Li et al. [18], Pupulin et al. [19] e Hamad et al. [20] demonstraram, de forma consistente, que pacientes com HIV apresentam alterações na microbiota intestinal, com destaque para o aumento do gênero *Candida*, especialmente da espécie *albicans*. Esses resultados estão em concordância com estudos prévios realizados por Zaongo et al. [14], no qual *Candida albicans* foi verificado como o patógeno oportunista mais encontrado durante toda a progressão da infecção pelo HIV. A colonização da espécie *albicans* pode ser explicada pela a imunossupressão causada pelo HIV nesses pacientes, uma vez que o vírus leva ao comprometendo da imunidade adaptativa [22]. Além das alterações na composição da microbiota intestinal, os estudos selecionados também avaliaram a diversidade fúngica, apresentando resultados heterogêneo entre pacientes com HIV

e indivíduos saudáveis. Hamad et al. [20] observaram maior diversidade no grupo controle, sugerindo que a infecção pelo HIV pode impactar negativamente o equilíbrio da microbiota fúngica. Em contraste, Li et al. [18] não identificaram diferenças significativas na diversidade alfa ou beta entre os grupos avaliados, sugerindo que as alterações na diversidade fúngica podem variar conforme o contexto clínico. Por outro lado, Meng et al. [21] demonstraram que não houve uma diferença significativa na diversidade alfa, mas ao avaliar a diversidade beta observou diferenças significativas, revelando modificações na composição da comunidade fúngica.

A heterogeneidade dos achados pode ser explicada por diferenças metodológicas, como no tamanho amostral, nos métodos e nas características clínicas. Hamad et al. [20] utilizaram

sequenciamento das regiões ITS1 e ITS2 em amostras reduzidas, o que pode ter influenciado a interpretação dos resultados, devido ao maior impacto da variabilidade individual na estimativa da diversidade micobiota. Já Li et al. [18] e Meng et al. [21], empregaram sequenciamento de alto rendimento ITS1, com abordagem analítica distintas, incluindo a avaliação da diversidade alfa e beta, mesmo com técnicas semelhantes, a divergência pode estar relacionada à diferença no número amostral e à variabilidade clínica, como o uso de terapia antirretroviral que podem influenciar a composição da micobiota.

As alterações observadas podem ser atribuídas aos efeitos diretos do HIV sobre o sistema imunológico, sobretudo na mucosa intestinal. O vírus leva a ruptura da barreira epitelial intestinal e a depleção em massa de células T CD4+, principalmente de células Th17 [13], as quais desempenham papel fundamental contra micro-organismo nas mucosas, bem como a *Candida albicans* [15].

Além disso o comprometimento do sistema imunológico intestinal contribui para o desenvolvimento de disbiose, favorecendo o aparecimento de micro-organismos oportunistas, como fungos do gênero *Candida* [14]. Corroborando com esse estudo, Meng et al. [21], identificaram alterações nas funções imunológica e na composição fúngica, com aumento relativo de *Candida* em pacientes com HIV. Os autores ainda destacam que a *Candida* se beneficia dos danos imunológicos provocado pelo vírus e a disbiose intestinal para o seu crescimento e expressão da proteína tóxica SAP1.

A SAP1 desempenha papel importante na colonização de *Candida albicans* nas mucosas, pois aumenta sua adesão às células epiteliais e favorece a infiltração tecidual. Dessa forma, pode exacerbar os danos à barreira mucosa em pacientes vivendo com HIV/AIDS, contribuindo para a deterioração da imunidade intestinal [21].

De acordo com Li et al. [18], foi observado aumento significativo da SAP1 associado à *Candida albicans* em pacientes vivendo com HIV, além disso, identificaram correlação negativa com a Claudin-1 e associação com citocinas inflamatórias, como a IL-6 e IL-18, sugerindo relação com o comprometimento da barreira intestinal e a resposta inflamatória. Embora tenha sido observado o aumento da SAP1, o estudo não evidenciou a forma virulenta, o que limita a interpretação do seu papel patogênico.

Além disso, estudos realizados por Li et al. [18], Pupulin et al. [19] e Meng et al. [21] constataram que, mesmo os pacientes em tratamento com terapia antirretroviral, as alterações na microbiota intestinal persistiam, assim como a presença de *Candida*. Por outro lado, Hamad et al. [20] não especifica se os pacientes estavam em uso de TARV, embora também tenham identificado a presença do fungo nesses indivíduos.

Esses resultados podem ser explicados a partir de Deeks [23], que descreve que, apesar do tratamento com terapia antirretroviral, a inflamação persiste e ocorre recuperação incompleta das células T CD4+. O autor associa prováveis fatores, como replicação viral residual, disfunção imunológica e translocação microbiana, como contribuintes para a inflamação persistir durante a terapia [23].

Os achados de Li et al. [18], Pupulin et al. [19] e Meng et al. [21] reforçam estudos anteriores, como o de Zaongo et al. [14] que observou *Candida* em indivíduos sob tratamento com antirretroviral. Embora a TARV seja eficaz no controle da replicação viral, ela não é suficiente para restaurar o equilíbrio da microbiota intestinal nesses pacientes.

Diante disso, a persistência da *Candida albicans* mesmo em indivíduo sob tratamento com TARV, reforça sua característica oportunista, uma vez que, embora seja um fungo comensal em condições favoráveis, pode se tornar patogênico [18]. Devido à sua capacidade de induzir disbiose, Zaongo et al. [14] destacam que a infecção por *Candida albicans* em pacientes com HIV pode representar um problema de saúde pública.

Com isso, o crescimento excessivo desse fungo pode favorecer a formação de hifas e biofilmes nesses pacientes, levando ao comprometimento do epitélio da mucosa intestinal e contribuindo para o desenvolvimento da síndrome do intestino permeável. Como consequência, ocorre translocação microbiana e ativação desregulada do sistema imunológico [18].

O estudo realizado por Pupulin et al. [19] já evidenciavam a presença expressiva da espécie *albicans* em pacientes com HIV/AIDS, sobretudo em pacientes que apresentam manifestações gastrointestinais, como diarreias, sugerindo que *Candida sp.* pode contribuir para esses sintomas nesses indivíduos. De forma semelhante, Awoyeni et al. [24] observaram que, nas fezes de pacientes com diarreia, *Candida* é frequentemente isolada, especialmente em indivíduos vivendo com AIDS. Além disso, a diarreia no HIV é considerada multifatorial, e *Candida sp.* tem sido associado à etiologia da diarreia crônica em pacientes.

Diante do exposto, o presente trabalho apresenta algumas limitações. Observa-se a escassez de estudos voltado à micobiota intestinal em pacientes com HIV, uma vez que a maioria das pesquisas se concentra na microbiota bacteriana, deixando de lado os possíveis impactos gerados por fungos oportunistas nesses pacientes. Ademais, a redução do número amostral nos estudos limita os achados. Importa ressaltar que há diferenças entre os períodos dos estudos, o que pode influenciar na comparabilidade dos resultados, uma vez que a sensibilidade das técnicas e o atual cenário clínico dos pacientes com HIV pode ser distintos ao longo do tempo.

Diante dessas limitações, sugerem-se novas pesquisas com maior número amostral a fim de aumentar a confiabilidade dos achados e foco nas comunidades fúngicas, visando compreender melhor seu comportamento e as possíveis consequências associadas.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

Portanto, os estudos alcançaram o objetivo proposto, ao evidenciar que indivíduos com HIV apresentam modificações na composição fúngica intestinal, com destaque no aumento do gênero *Candida sp.*, especialmente da espécie *albicans* e as possíveis consequências associadas ao aumento de *Candida* nesses indivíduos. Essas alterações estão associadas ao

comprometimento imunológico, principalmente pela depleção de células que possuem papel fundamental na homeostase, especialmente as células T CD4⁺ e Th17. Esse desequilíbrio favorece a disbiose e a colonização de microrganismos oportunistas. Também foram observados impactos na integridade da barreira intestinal, com possíveis repercussões inflamatórias e manifestações clínicas, como diarreia.

Dessa forma, ressalta-se a importância da microbiota intestinal na compreensão do HIV e a necessidade de novos estudos com um maior número amostral e melhor padronização metodológicas, considerando as limitações da literatura atual, como quantidade reduzida de estudos e a escassez de pesquisas voltadas especificamente à microbiota fúngica.

REFERÊNCIA

- [1] Jandhyala S.M.; Talukdar R.; Subramanyam C.; Vuyyuru H.; Sasikala M.; Nageshwar Reddy D. Role of the normal gut microbiota. *World J. Gastroenterol.* 2015;21(29):8787–803.
- [2] Andrade M.E.G.; Siqueira C.G. A microbiota intestinal, doenças associadas e os possíveis tratamentos: uma revisão narrativa. *Res. Soc. Dev.* 2024;13(1):1–14.
- [3] Park J.I.; et al. Intestinal Peyer's patches: structure, function, and in vitro modeling. *Tissue Eng. Regen. Med.* 2023;20(3):341–353.
- [4] Di Tommaso N.; Gasbarrini A.; Ponziani F.R. Intestinal barrier in human health and disease. *Int. J. Environ. Res. Public Health.* 2021;18(23):12836.
- [5] Vujkovic-Cvijin I.; Somsouk M. HIV and the gut microbiota: composition, consequences and avenues for amelioration. *Curr. HIV/AIDS Rep.* 2019;16(3):204–213.
- [6] Lindegger D.J. Advanced therapies for human immunodeficiency virus. *Med. Sci. (Basel).* 2024;12(3):33.
- [7] Ministério da Saúde. Boletim epidemiológico HIV e Aids 2024. Brasília: Ministério da Saúde; 2024.
- [8] Bhowmik J.; Biswas R.K. Knowledge about HIV/AIDS and its transmission and misconception among women in Bangladesh. *Int. J. Health Policy Manag.* 2022;11(11):2542-2551
- [9] Shaw G.M.; Hunter E. HIV transmission. *Cold Spring Harb. Perspect. Med.* 2012;2(11): a006965.
- [10] Capriotti T. HIV/AIDS: na update for home healthcare clinicians. *Home Healthc. Now.* 2018;36(6):348-355.
- [11] Nwosu F.C.; et al. Gut microbiota in HIV infection: implication for disease progression and management. *Gastroenterol. Res. Pract.* 2014; 2014:803185.
- [12] Fakharian F.; et al. The role of gut dysbiosis in the loss of intestinal immune cell functions and viral pathogenesis. *Microorganisms.* 2023;11(7):1849.
- [13] Renault C.; et al. Th17 CD4⁺ T-cell as a preferential target for HIV reservoirs. *Front. Immunol.* 2022; 13:822576.
- [14] Zaongo S.D.; et al. *Candida albicans* can foster gut dysbiosis and systemic inflammation during HIV infection. *Gut Microbes.* 2023;15(1):2167171.
- [15] Bacher P.; et al. Human anti-fungal Th17 immunity and pathology rely on cross-reactivity against *Candida albicans*. *Cell.* 2019;176(6):1340-1355.
- [16] Talapko J.; et al. *Candida albicans*: the virulence factors and clinical manifestations of infection. *J. Fungi (Basel).* 2021;7(2):79.
- [17] Rai L.S.; et al. Regulators of commensal and pathogenic lifestyles of an opportunistic fungus—*Candida albicans*. *Yeast.* 2021;38(4):243–250.
- [18] Li W.; et al. Alterations of the intestinal mucosal barrier and gut fungal microbiome in asymptomatic HIV-infected patients. *Can. J. Infect. Dis. Med. Microbiol.* 2024; 2024:6995192.
- [19] Pupulin A.R.T.; et al. Enteropatógenos relacionados à diarreia em pacientes HIV que fazem uso de terapia antirretroviral. *Rev. Soc. Bras. Med. Trop.* 2009;42(5):551–555.
- [20] Hamad I.; et al. Metabarcoding analysis of eukaryotic microbiota in the gut of HIV-infected patients. *PLoS One.* 2018;13(1): e0191913.
- [21] Meng P.; et al. Characterization of intestinal fungal community diversity in people living with HIV/AIDS (PLWHA). *AIDS Res. Ther.* 2024;21(1):10.
- [22] Pan Z.; Wu N.; Jin C. Intestinal microbiota dysbiosis promotes mucosal barrier damage and immune injury in HIV-infected patients. *Can. J. Infect. Dis. Med. Microbiol.* 2023; 2023:3080969.
- [23] Deeks S.G. Immune dysfunction, inflammation, and accelerated aging in patients on antiretroviral therapy. *Top. HIV Med.* 2009;17(4):118–23.
- [24] Awoyeni A.; et al. Isolation and evaluation of *Candida* species and their association with CD4⁺ T cells counts in HIV patients with diarrhoea. *Afr Health Sci.* 2017;17(2):322-329.