



Variabilidad del microbioma oral en biopelícula supragingival de niños con caries dental: estudio de cohorte

Variability of the oral microbiome in supragingival biofilm of children with dental caries: cohort study

Vivi Hoyos-Hoyos^{1,a}, Natalia Fortich-Mesa^{1,b}, Juan Camilo Tocora-Rodríguez²

Resumen

Objetivos: comparar la variabilidad del microbioma oral asociado a caries en una cohorte de niños de 5 – 9 años con seguimiento a 6 meses de un sector de la ciudad de Cartagena. **Métodos:** diseño de estudio observacional y analítico de una cohorte retrospectiva de 69 registros con seguimiento a 6 meses de niños de 5-9 años de dos instituciones educativas de Cartagena. Se evaluó la presencia de caries, severidad y variabilidad de *Streptococcus spp* por la técnica de secuenciación de próxima generación (HOMINGS). El análisis de los datos se llevó a cabo utilizando el software SPSS v29, con una significancia estadística considerada en valor menor $p < 0,05$. Se obtuvo la aprobación de aval ético por parte de la institución ejecutora. **Resultados:** se encontraron 26 registros en total, de los cuales el 65,4% desarrollaron caries dental, siendo el 50% de estas en estadio inicial. Durante el estudio, se observaron variaciones en la abundancia relativa de *Streptococcus spp*, especialmente en las sondas 4 y 1, así como en las especies *S. sanguinis* y *S. mutans* a lo largo del tiempo. Se identificó que niveles más bajos de *Streptococcus* sonda 4 mostraron una ligera tendencia hacia un mayor riesgo de desarrollar caries dental (OR: 1,07; IC95%: 0,150-7,54; $p=0,978$); sin embargo, estas diferencias no fueron significativas.

Conclusiones: las dinámicas en el tiempo mostraron una variabilidad del microbioma oral de *Streptococcus spp*. Es necesario evaluar las interacciones con otros factores de riesgos que permitan identificar sus relaciones el inicio, desarrollo y progresión de la enfermedad.

Palabras claves: microbiota, biopelículas, *Streptococcus*, caries dental, factores de riesgo, niño.

Abstract

Objectives: to compare the variability of the oral microbiome associated with caries in a cohort of children aged 5-9 years with a 6-month follow-up from a sector of the city of Cartagena. **Methods:** observational and analytical study design of a retrospective cohort of 69 records with a 6-month follow-up of children aged 5-9 years from two educational institutions in Cartagena. The presence of caries, severity and variability of *Streptococcus spp* was evaluated by the next generation sequencing technique (HOMINGS). Data analysis was performed using SPSS v29 software, with a value less than 0.05 considered significant. Ethical approval was obtained from the implementing institution. **Results:** a total of 26 records were found, of which 65.4% developed dental caries, 50% of which were in the initial stage. During the study, variations in the relative abundance of *Streptococcus spp* were observed, especially in probes 4 and 1, as well as in the species *S. sanguinis* and *S. mutans* over time. It was identified that lower levels of *Streptococcus* probe 4 showed a slight tendency towards a higher risk of developing dental caries (OR: 1.07; 95% CI: 0.150-7.54; $p=0.978$); however, these differences were not significant.

Conclusions: the dynamics over time showed a variability of the oral microbiome of *Streptococcus spp*. It is necessary to evaluate the interactions with other risk factors that allow identifying their relationships with the onset, development and progression of the disease.

Keywords: microbiota, biofilms, *Streptococcus*, dental caries, risk factors, child.

Recibido el
25 de noviembre de 2024

Aceptado
20 de junio de 2025

¹Facultad Ciencias de la Salud,
Programa de Odontología, Corporación
Universitaria Rafael Núñez, Cartagena,
Colombia.

^a<https://orcid.org/0000-0002-3085-7772>.
^b<https://orcid.org/0000-0003-2929-0278>.

natalia.fortich@curvirtual.edu.co
²Facultad de Ciencias de la Salud y
del Deporte, Programa Maestría en
Epidemiología, Fundación Universitaria
del Área Andina, Bogotá, Colombia.
<https://orcid.org/00-0001-5635-9598>
jtocora2@areandina.edu.co

*Correspondencia:

Vivi Hoyos Hoyos

Correo electrónico:

vivi.hoyos@curvirtual.edu.co

DOI:

<https://doi.org/10.47993/gmb.v48i1.977>

La caries dental es una enfermedad compleja que surge de la interacción entre bacterias que producen ácido, carbohidratos que se fermentan y diversos factores internos y externos del individuo ^{1,2}. Esta interacción provoca una pérdida gradual de minerales en los tejidos dentales, lo que lleva a la descomposición localizada de la estructura dura del diente y facilita el inicio y desarrollo de la enfermedad, las cuales son influenciadas por factores biológicos, conductuales, psicosociales y ambientales. A pesar de ello, es crucial reconocer que estos factores, aunque importantes, no se debe ignorar la relevancia del rol que desempeña las bacterias en el desarrollo de esta enfermedad ^{3,4}.

Las biopelículas son una comunidad organizada de microorganismos como bacterias, hongos y protozoos, que están envueltas en una red de polisacáridos y se adhieren a superficies viva o inactivas ⁵. Estas biopelículas juegan un papel fundamental en el desarrollo de la caries dental, debido a que albergan una variedad significativa de microorganismos. Entre ellos, las bacterias del género *Streptococcus*, el cual 80% de especies son las primeras en colonizar debido a su capacidad de adhesión. Esta colonización influye en la composición de los colonizadores posteriores en la membrana oral e influye en el estado de salud ⁶.

Más de 700 tipos de microorganismos se han sido identificado en la cavidad oral, lo que hace del microbioma una de las comunidades microbianas más complejas e importantes del cuerpo humano. De hecho, es una de las principales áreas de investigación en la actualidad^{7,8}. La tecnología de secuenciación de próxima generación, como HOMINGS, ha permitido descubrir la complejidad de estos microbiomas como nunca, proporcionando una visión detallada de cómo cientos de especies bacterianas coexisten e interactúan⁹. Comprender estas interacciones es clave para mantener el equilibrio en la boca, evitar la colonización de patógenos y prevenir enfermedades orales como la caries dental, especialmente en condiciones favorables para su desarrollo¹⁰.

Se ha observado que la diversidad microbiana en las lesiones de caries dental es significativamente menor que en la biopelículas orales en ausencia de esta. Los estudios genómicos han relevado una microbiota compleja en las lesiones, en la que muchos de los microorganismos presentes son comensales¹¹. Aproximadamente el 50% de estos microorganismos se encuentran tanto en individuos con y sin caries, con concentraciones más altas en las lesiones de manchas blancas. Sin embargo, en algunos individuos con caries, los niveles de *Streptococcus mutans*, son bajos o incluso indetectables¹².

Qudeimat et al., utilizaron la secuenciación de ARNr16S de próxima generación para comparar la composición bacteriana entre niños con y sin caries dental. Aunque no se observaron diferencias significativas en la composición general, *S. mutans* fue identificado con mayor frecuencia en los niños con caries activa ($p < 0,05$), lo que resalta su asociación con la enfermedad cariosa¹³. Fan et al., en un estudio con 712 niños de 3 a 4 años, encontraron que el 38,2% desarrolló caries durante un año de seguimiento. Además, se reportó una alta puntuación de biopelícula de *Streptococcus mutans* en estos niños ($p < 0,001$)¹⁴.

Richards, et al., emplearon la tecnología de secuenciación de próxima generación (HOMINGS) para analizar los microbiomas de las biopelículas supragingivales en 55 niños de 2 a 7 años con diferentes estados de caries dental. No se encontraron diferencias significativas en la diversidad beta entre las muestras tomadas al inicio y las de 12 meses después. Dentro de los taxones detectados, las sondas de *Streptococcus* 4 fueron el taxón más frecuentemente detectado seguido por *Streptococcus sanguinis*, que fue abundante en niños sin caries. En contraste, *Streptococcus mutans*, se encontró principalmente en individuos con caries activa, especialmente en las lesiones de dentina¹⁵.

A pesar de los esfuerzos constantes por entender la composición y las actividades del microbioma oral en diferentes estados de salud y enfermedad, aún no se comprende completamente por qué existen diferencias en los perfiles microbianos entre diferentes individuos y dentro de un mismo individuo a lo largo del tiempo¹⁶. Esta falta de conocimiento limita nuestra capacidad para relacionar la estructura y funcionamiento de la comunidad microbiana con la salud oral y la presencia de caries dental. Para ello, el objetivo de esta investigación fue comparar la variabilidad del microbioma oral asociado a caries en una cohorte de niños de 5–9 años con seguimiento a 6 meses de un sector de la ciudad de Cartagena.

Materiales y métodos

Tipo de estudio

Se realizó un diseño de estudio de enfoque cuantitativo, observacional, analítico, en el cual se analizaron los datos de una cohorte con seguimiento a 6 meses de niños de 5-9 años de dos instituciones educativas de Cartagena. La población incluyó a los registros de los participantes involucrados en el proyecto "Caracterización del microbioma oral en saliva y biopelícula bacteriana de niños con lesiones cariosas. Estudio de casos y controles prospectivo". Código COLCIENCIAS 141965741160 y ejecutado por una Institución de Educación Superior de la ciudad de Cartagena.

Este proyecto utilizó la detección visual a través de un examen clínico para evaluar la presencia, superficie y actividad de las lesiones con el Sistema Internacional de Detección y Diagnóstico de Caries (ICDAS). Este examen fue realizado por un único operador capacitado. Además, se identificaron las especies bacterianas a través de un toma de muestra de biopelícula supragingival en la línea base y a los 6 meses de seguimiento y analizados mediante secuenciación de próxima generación basada en Illumina, utilizando un programa BLAST personalizado (ProbeSeq para HOMINGS, del Forsyth Institute, Boston, MA)¹⁷.

Este análisis bacteriano emplea sondas de oligonucleótidos de ADN ribosomal 16S personalizadas y específicas para cada especie, que varían en longitud de 17 a 40 bases. Las sondas fueron diseñadas para detectar especies bacterianas orales específicas, o, en algunos casos, especies estrechamente relacionadas dentro del mismo género, que permiten identificar múltiples especies estrechamente relacionadas.

Como criterios de inclusión que tuvieron en consideración fueron no haber recibido tratamiento odontológico profiláctico y/o aplicación de flúor 6 meses previo al inicio del estudio, o no estar bajo tratamiento farmacológico durante al menos los últimos tres meses y no tener malformaciones congénitas que afectaran la cavidad oral. Se excluyeron del estudio aquellos pacientes con enfermedades sistémicas que pudieran influir en las condiciones de la cavidad oral, como enfermedades autoinmunes, hematológicas, endocrinas y cardiovasculares.

El tamaño de la muestra para la presente investigación se determinó utilizando el software Epidat versión 4,2 de estudio de cohorte, considerando una proporción de casos expuestos de 38,2%, proporción de no expuestos de 13,6%, con una razón de odds (OR) a detectar de 2,80 y un nivel de confianza del 95%. Se calculó una muestra mínima de 70 registros con una potencia del 65%. Sin embargo, se consideró el total de la población de estudio, correspondiente a 69 que cumplieron los criterios de

inclusión y exclusión.

Para presente estudio se consideraron todos los registros completos que no desarrollaron el evento de interés al inicio del estudio, y quienes presentaron reporte de diagnóstico de caries dental y análisis de muestras de biopelícula supragingival en ambos periodos de seguimiento.

Técnica de recolección de la información

A partir de la base de datos suministrada, se creó una tabla matriz de Microsoft Excel, para organizar la distribución de las variables a analizar. Posteriormente, se depuraron los datos teniendo en cuenta variables como la presencia de caries dental: (sí-no), severidad de la caries (inicial, moderada y severa); proporciones de *Streptococcus* spp identificadas en el microbioma y el tiempo seguimiento (línea base y 6 meses).

Plan de análisis estadístico

Los datos extraídos y organizados en la tabla matriz de Microsoft Excel (Office 365) fueron exportados al software SPSS v29 (IBM® SPSS® Statistics 29; IBM Corp., USA) para su análisis. En el análisis univariado, las variables cualitativas se examinaron mediante frecuencias absolutas y relativas. Para el análisis bivariado, se realizaron comparaciones entre grupos emparejados utilizando tablas de contingencia y la prueba de signos de Wilcoxon, considerando un valor de significancia de $p < 0,05$.

En el análisis multivariado, se empleó un modelo de regresión logística binaria para la variable cualitativa dependiente y determinar los factores asociados. El modelo incluyó especies bacterianas basadas en el conocimiento clínico y en las abundancias relativas, clasificadas en baja, media y alta proporción. Se consideró un valor de p significativo menor a 0,05 y los resultados se interpretaron comparando los odds ratios (OR) con sus intervalos de confianza.

Consideraciones éticas

De acuerdo con la Resolución 008430 de 1993, de la República de Colombia, esta investigación se clasifica en una investigación sin riesgo. Además, se obtuvo la autorización para utilizar la base de datos (fuente secundaria) por parte del Comité de Ética de la Institución de Educación Superior que avaló y ejecutó el proyecto.

Resultados

Identificación y selección de registros para el estudio.

Del total de 151 registros incluidos en el estudio, se seleccionaron 69 que no presentaron el evento de interés. Para la identificación de especies de *Streptococcus*, se observaron algunas variaciones debido a que 16 registros fueron excluidos debido a la ausencia de muestras de biopelícula. En la fase inicial, se analizaron 53 registros. Tras un seguimiento de 6 meses de seguimiento, se identificaron 26 registros, sin embargo, uno de estos fue excluido en el análisis subsiguiente, dejando un total de 25 registros para esta etapa. Cada una de estas fases se presenta de manera detallada en un diagrama de flujo correspondiente (Figura 1).

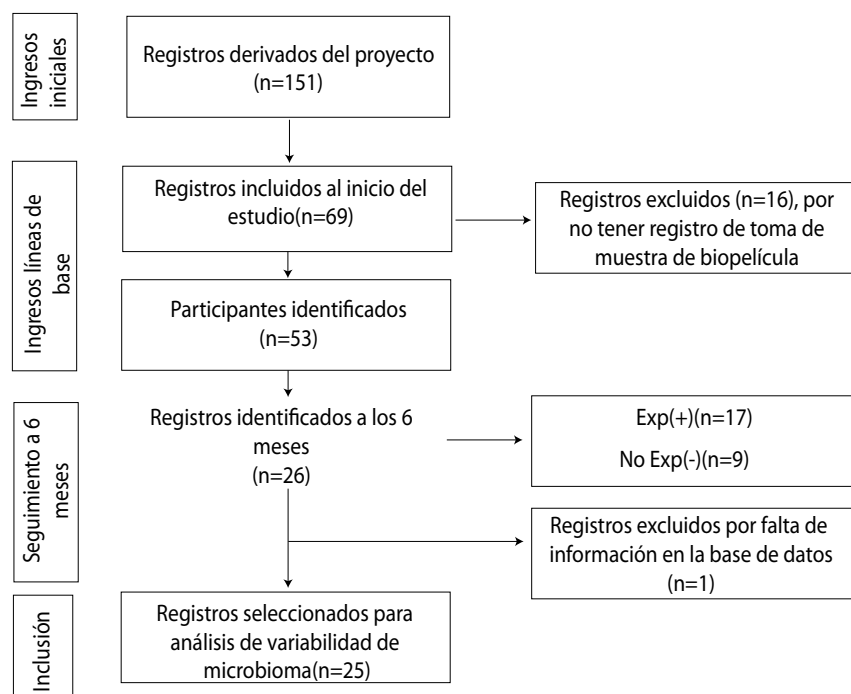


Figura 1.

Diagrama de flujo de registros de participantes seleccionados para el análisis de los datos.

Presencia de caries dental a los 6 meses de seguimiento

Después de 6 meses de seguimiento, se identificaron 26 registros, de los cuales el 65,4% presentaron caries dental. De estas lesiones, que el 50% se encontraban en estadio inicial, de acuerdo con la clasificación de severidad (Tabla 1).

Variabilidad del microbioma oral de *Streptococcus* spp en la biopelícula según el tiempo

Al comparar las especies de *Streptococcus* identificadas en la línea base y a los 6 meses, se observó una reducción en los valores promedio de algunas especies, *Streptococcus* sonda 4 (Línea base: $23,5 \pm 11,04$; 6 meses: $16,5 \pm 8,14$).

En contraste, *Streptococcus sanguinis* y *Streptococcus mutans* mostraron un aumento en sus valores promedio (Línea base: $3,37 \pm 4,01$; 6 meses: $3,65 \pm 2,93$) y (Línea base: $0,0009 \pm 0,04$; 6 meses: $0,00 \pm 0,01$), respectivamente (Tabla 2).

La variabilidad del microbioma de *Streptococcus* spp, evaluada mediante las sondas 1 - 4, y analizada individualmente en los registros asociados al evento de interés a partir de las dos mediciones, no relevó diferencias estadísticamente significativas entre la línea base y los 6 meses de seguimiento (Tabla 3).

Asociación entre la caries dental y abundancia relativa identificadas en el microbioma oral a los 6 meses de seguimiento.

Según las especies identificadas en el microbioma oral mediante secuenciación HOMINGS, las abundancias relativas fueron mayores en las sondas *Streptococcus* sonda 4 y *Streptococcus* sonda 1. Al analizar la asociación entre la presencia de caries dental y la abundancia relativa de estas especies, se observó que *Streptococcus* sonda 4, en niveles bajos, tenía 1,07 veces más probabilidad de riesgo de desarrollar caries dental en comparación con aquellos que no la desarrollaron. Sin embargo, esta asociación no alcanzó significancia estadística ni precisión (OR: 1,07; IC95%: 0,150-7,54; $p=0,978$) (Tabla 4).

Discusión

En la cavidad oral, las bacterias juegan un papel crucial en el microbioma y son el tipo más estudiado. Hasta la fecha, se han identificado alrededor de 774 especies de bacterias, algunas de las cuales podrían estar relacionadas con el desarrollo de caries dental¹⁸. Entre estos microorganismos se encuentran especies del género *Streptococcus*, como *Streptococcus sanguinis*, *Streptococcus sobrinus* y *Streptococcus cricetus*.

Tabla 1. Presencia de caries dental según los criterios ICDAS en la población de estudio a los 6 meses de seguimiento.

Variable	Categorías	n	%
Caries dental	Si	17	65,4
	No	9	34,6
Severidad	Inicial	13	50,0%
	Moderado	2	7,7%
	Severo	2	7,7%
Total		26	100

Fuente. Elaboración propia

Tabla 2. Comparación de *Streptococcus* spp identificadas en la línea base y a los 6 meses de seguimiento con relación a la presencia de caries dental.

<i>Streptococcus</i> spp	Tiempo	
	Línea base	6 meses
	Media (SD)*	Media (SD)*
<i>Streptococcus</i> Sonda 1	2,40 (2,10)	2,41 (1,87)
<i>Streptococcus</i> Sonda 4	23,5 (11,04)	16,5 (8,14)
<i>Streptococcus sanguinis</i>	3,37 (4,01)	3,65 (2,93)
<i>Streptococcus anginosus</i>	0,41 (1,26)	0,18 (0,29)
<i>Streptococcus constellatus</i>	0,06 (0,13)	0,006 (0,14)
<i>Streptococcus intermedius</i>	0,40 (0,46)	0,40 (1,07)
<i>Streptococcus mutans</i>	0,0009 (0,04)	0,00 (0,01)
(SD) Desviación Estándar*		
<i>Streptococcus</i> spp reconocidas según HOMINGS por sonda: <i>Streptococcus</i> Genus Sonda 1- <i>gordonii</i> , <i>sanguinis</i> ; <i>Streptococcus</i> Genus Sonda 4 - <i>australis</i> , <i>cristatus</i> , <i>infantis</i> , <i>mitis</i> , <i>mitis</i> bv. 2, <i>oligofermentans</i> , <i>oralis</i> , <i>parasanguinis</i> , <i>parasanguinis</i> II, <i>peroris</i> , <i>pneumoniae</i> , <i>pseudopneumoniae</i> , <i>salivarius</i> , <i>sinensis</i> , <i>vestibularis</i> .		

Fuente. Elaboración propia

Tabla 3. Variabilidad del microbioma oral de *Streptococcus* spp en la biopelícula asociada a caries dental según el tiempo.

Variable		N	Rango Promedio	Suma de rangos	Valor P
Streptococcus_sonda 1	Rangos negativos	8	9,13	73,00	0,457
	Rangos positivos	7	6,71	47,00	
	Empate	2			
Streptococcus_sonda 4	Rangos negativos	12	8,21	98,50	0,115
	Rangos positivos	4	9,38	37,50	
	Empate	1			
Streptococcus anginosus	Rangos negativos	8	7,88	63,00	0,796
	Rangos positivos	8	9,13	73,00	
	Empate	1			
Streptococcus constellatus	Rangos negativos	7	5,00	35,00	0,139
	Rangos positivos	2	5,00	10,00	
	Empate	8			
Streptococcus intermedius	Rangos negativos	12	9,33	112,00	0,093
	Rangos positivos	5	8,20	41,00	
	Empate	0			
Streptococcus mutans	Rangos negativos	4	3,75	15,00	0,674
	Rangos positivos	4	5,25	21,00	
	Empate	9			
Streptococcus sanguinis	Rangos negativos	8	8,50	68,00	0,687
	Rangos positivos	9	9,44	85,00	
	Empate	0			
Prueba de Signos de Wilcoxon					
Streptococcus spp reconocidas según HOMINGS por sonda: Streptococcus Genus Sonda 1- gordonii, sanguinis; Streptococcus Genus Sonda 4 - australis, cristatus, infantis, mitis, mitis bv. 2, oligofermentans, oralis, parasanguinis, parasanguinis II, peroris, pneumoniae, pseudopneumoniae, salivarius, sinensis, vestibularis.					

Fuente. Elaboración propia

Sin embargo, *Streptococcus mutans*, destaca principalmente, puesto que se reconoce como un actor clave en la formación de biopelícula dañinas en la boca, lo que está vinculado con el inicio y la progresión de la caries dental¹⁹.

Zhu et al.²⁰, y Harris et al.²¹, han documentado que *Streptococcus sanguinis* es una de las bacterias más abundantes en la cavidad oral, actuando como uno de los primeros colonizadores y reflejando una simbiosis funcional. En el presente estudio por medio de la técnica de secuenciación HOMINGS, se identificó que *Streptococcus* spp mostró una mayor abundancia relativa dentro del microbioma oral en comparación con otras especies evaluadas. Sin embargo, después de 6 meses, se comenzó a observar una disminución en la abundancia de esta especie, lo que sugiere un cambio en los roles bacterianos a lo largo de las diferentes etapas del desarrollo de caries.

El uso de técnicas de secuenciación genética para analizar el microbioma oral ha permitido obtener información más precisa sobre el papel de las distintas especies bacterianas. En este estudio, se observó que *Streptococcus* sonda 4, mostró una alta abundancia relativa desde el inicio. No obstante, se produjo una disminución de su presencia en relación con la enfermedad, lo cual podría estar relacionado con el equilibrio bacteriano en la boca. Este cambio podría influir en la colonización inicial de la biopelícula, la interacción con otras bacterias y la adhesión a superficies dentales, contribuyendo así al proceso de desmineralización del esmalte dental²².

Tabla 4. Abundancia relativa de *Streptococcus* sonda 4 asociado a caries dental a los 6 meses de seguimiento.

Variable	IC95%			
	OR	Li	LS	Sig
<i>Streptococcus_sonda 4</i>				
Abundancia relativa baja	1,027	0,150	7,054	0,978
Referencia. Alta				
<i>Streptococcus_sonda 4</i>				
Abundancia relativa media	0,263	0,007	9,299	0,463
Referencia. Alta				

Modelo de regresión logística binaria ajustado por especies *Strep. Sonda 1*; y especies *S. sanguinis*, *S. mutans*.

Streptococcus Genus Sonda 4 - *australis*, *cristatus*, *infantis*, *mitis*, *mitis* bv. 2, *oligofermentans*, *oralis*, *parasanguinis*, *parasanguinis* II, *peroris*, *pneumoniae*, *pseudopneumoniae*, *salivarius*, *sinensis*, *vestibularis*.

*Abundancia relativa baja: 0-15%; media: 16-31%; alta: 32-49%.

OR: Odds Ratio; IC: Intervalo de confianza; LI: límite inferior; LS: Límite superior.

Fuente. Elaboración propia

En este estudio, las abundancias relativas determinadas mediante la técnica HOMINGS revelaron que el género *Streptococcus* (incluyendo *S. gordonii* y *S. sanguinis*) son las principales bacterias que colonizan la superficie dental y facilitan la adhesión a la biopelícula²³. Además, se observó un incremento en la abundancia relativa de *S. mutans* después 6 meses de seguimiento, lo que permite explorar el papel de cada una de estas especies en el desarrollo de la caries dental. Thimmegowda et al.²⁴, reportaron que la presencia de *S. mutans* con caries activa estaba significativamente asociada con caries activa, mientras que *S. sanguinis* estaba más presente en niños sin caries, mostrando así similitudes con los resultados obtenidos en este estudio.

Bansal et al.²⁵, identificaron *S. anginosus*, *S. salivarius* y *S. gordonii*, como especies cuya abundancia relativa podría servir como biomarcadores para la detección y el seguimiento de la caries dental. En el presente estudio, se observó variabilidad en la abundancia relativa de estas especies, particularmente entre las bacterias colonizadoras iniciales, aunque las diferencias no fueron estadísticamente significativas. Por otro lado, Chen et al.²⁶, investigaron biomarcadores microbiológicos y proteínicos en la etiología de la caries en niños de 6 a 8 años mediante pirosecuenciación del ADNr 16S, y encontraron que la diversidad de la comunidad microbiana tiene un impacto limitado sobre la enfermedad.

Una fortaleza destacada del estudio fue la identificación de la interacción entre especies, particularmente *Streptococcus spp.*, en términos de abundancia relativa a lo largo del tiempo y su relación con la caries dental. No obstante, se encontraron varias limitaciones significativas. Entre ellas, la presencia de datos provenientes de la fuente secundaria que condicionó al tamaño de la muestra. Además, se produjo una pérdida de participantes en el proyecto original durante el seguimiento y el periodo de evaluación fue relativamente corto. Por lo anterior, se recomienda realizar investigaciones a largo plazo para comprender mejor el desarrollo crónico de la enfermedad.

En conclusión, se puede destacar que se encontró variabilidad de *Streptococcus spp* pertenecientes al microbioma en el tiempo, por lo que se hace necesario desarrollar modelos predictivos que integren la interacción de diversos factores de riesgo con las especies bacterianas en las diferentes etapas desde el inicio hasta la progresión de la enfermedad.

Declaración de conflictos de intereses

Los autores declaran que no existen conflictos de interés.

Declaración sobre uso de Inteligencia artificial

En la elaboración de este artículo científico, los autores declaran que no se ha utilizado ninguna herramienta de inteligencia artificial (IA) para la generación, análisis o redacción del contenido presentado. Todas las investigaciones, análisis de datos, interpretaciones y redacciones han sido realizadas manualmente por los autores, asegurando así la autenticidad y el rigor académico del trabajo.

Esta declaración subraya nuestro compromiso con los principios éticos y la integridad científica, garantizando que los resultados y las conclusiones aquí presentadas son producto del esfuerzo y conocimiento humano sin la intervención de sistemas automatizados de IA.

Referencias bibliográficas

- Bordoni NE, Salgado PA, Squassi AF. Comparison between indexes for diagnosis and guidance for treatment of dental caries. *Acta Odontol Latinoam*. 2021;34(3):289-97.
- Martignon S, Cortes A, Douglas GVA, Newton JT, Pitts NB, Avila V, et al. CariesCare International adapted for the pandemic in children: Caries OUT multicentre single-group interventional study protocol. *BMC Oral Health*. 1 de julio de 2021;21(1):329.
- Pakhesal M, Riyahi E, Naghavi Alhosseini A, Amdjadi P, Behnampour N. Impact of dental caries on oral health related quality of life among preschool children: perceptions of parents. *BMC Oral Health*. 2021;21(1):68.
- Fejerskov O. Concepts of dental caries and their consequences for understanding the disease. *Community Dent Oral Epidemiol*. 1997;25(1):5-12.
- Valm AM. The structure of dental plaque microbial communities in the transition from health to dental caries and periodontal disease. *J Mol Biol*. 2019;431(16):2957-69.
- Mougeot JLC, Beckman ME, Morton DS, Noll J, Steuerwald NM, Brennan MT, et al. Human oral mucosa and oral microbiome interactions following supragingival plaque reconstitution in healthy volunteers: a diet-controlled balanced design proof-of-concept model to investigate oral pathologies. *J Oral Microbiol*. 2023;15(1):2246279.
- Pitts NB, Twetman S, Fisher J, Marsh PD. Understanding dental caries as a non-communicable disease. *Br Dent J*. 2021;231(12):749-53.
- Ribeiro AA, Paster BJ. Dental caries and their microbiomes in children: what do we do now? *J Oral Microbiol*. 2023;15(1):2198433.
- Peng X, Cheng L, You Y, Tang C, Ren B, Li Y, et al. Oral microbiota in human systematic diseases. *Int J Oral Sci*. 2022;14(1):14.
- Palmer RJ, Cotton SL, Kokaras AS, Gardner P, Grisius M, Pelayo E, et al. Analysis of oral bacterial communities: comparison of HOMINGS with a tree-based approach implemented in QIIME. *J Oral Microbiol*. 2019;11(1):1586413.
- Santacroce L, Passarelli PC, Azzolino D, Bottalico L, Charitos IA, Cazzolla AP, et al. Oral microbiota in human health and disease: A perspective. *Exp Biol Med Maywood NJ*. 2023;248(15):1288-301.
- Ferrer MD, Pérez S, Lopez AL, Sanz JL, Melo M, Llena C, et al. Evaluation of clinical, biochemical and microbiological markers related to dental caries. *Int J Environ Res Public Health*. 2021;18(11):6049.
- Qudeimat MA, Alyahya A, Karched M, Behbehani J, Salako NO. Dental plaque microbiota profiles of children with caries-free and caries-active dentition. *J Dent*. enero de 2021;104:103539.
- Fan CC, Wang WH, Xu T, Zheng SG. Risk factors of early childhood caries (ECC) among children in Beijing - a prospective cohort study. *BMC Oral Health*. 2019;19(1):34.
- Richards VP, Alvarez AJ, Luce AR, Bedenbaugh M, Mitchell ML, Burne RA, et al. Microbiomes of site-specific dental plaques from children with different caries status. *Infect Immun*. 2017;85(8):e00106-17.
- Gugnani N, Pandit I, Srivastava N, Gupta M, Sharma M. International Caries Detection and Assessment System (ICDAS): A new concept. *Int J Clin Pediatr Dent*. 2011;4(2):93-100.
- HOMINGS. HOMINGS: Human Oral Microbe Identification using Next Generation Sequencing. 2014 [citado 25 de noviembre de 2024]. HOMINGS - The Forsyth Institute. Disponible en: <https://homings.forsyth.org/>
- Giacaman RA, Fernández CE, Muñoz-Sandoval C, León S, García-Manríquez N, Echeverría C, et al. Understanding dental caries as a non-communicable and behavioral disease: Management implications. *Front Oral Health*. 2022;3:764479.
- Lemos JA, Palmer SR, Zeng L, Wen ZT, Kajfasz JK, Freires IA, et al. The biology of *Streptococcus mutans*. *Microbiol Spectr*. 2019;7(1):1-16.
- Zhu Y, Wang Y, Zhang S, Li J, Li X, Ying Y, et al. Association of polymicrobial interactions with dental caries development and prevention. *Front Microbiol*. 2023;14:1162380.
- Harris-Ricardo J, Fang L, Herrera-Herrera A, Fortich-Mesa N, Olier-Castillo D, Cavanzo-Rojas D, et al. Perfil bacteriano del biofilm dental supragingival en niños con dentición temporal y mixta temprana utilizando la técnica de secuenciación de próxima generación (HOMINGS). *Enfermedades Infecc Microbiol Clínica*. 2019;37(7):448-53.
- Yasunaga H, Takeshita T, Shibata Y, Furuta M, Shimazaki Y, Akifusa S, et al. Exploration of bacterial species associated with the salivary microbiome of individuals with a low susceptibility to dental caries. *Clin Oral Investig*. 2017;21(8):2399-406.
- Baty JJ, Stoner SN, Scofield JA. Oral commensal streptococci: Gatekeepers of the oral cavity. *J Bacteriol*. 2022;204(11):e00257-22.
- Thimmegowda U, Belagatta V, Chikkanarasiah N, Bilichodmath S. Identification and Correlation of *Streptococcus mutans* and *Streptococcus sanguinis* in Caries-active and Caries-free Children: A PCR Study. *Int J Clin Pediatr Dent*. 2023;16(1):9-15.
- Bansal K, Chaudhary R, Mathur VP, Tewari N. Comparison of oral micro-flora in caries active and caries free Indian children using culture techniques and PCR analysis. *Indian J Dent Res Off Publ Indian Soc Dent Res*. 2020;31(3):420-5.
- Chen W, Jiang Q, Yan G, Yang D. The oral microbiome and salivary proteins influence caries in children aged 6 to 8 years. *BMC Oral Health*. 2020;20(1):295.