

Estudio exploratorio de la diversidad bacteriana oral en madres, niñas y niños en CPRS del Estado de México en el contexto de crianza en prisión. Enfoque previo a estudios metagenómicos

Exploratory study of oral bacterial diversity in mothers and children in CPRS in the State of Mexico in the context of prison upbringing. Approach before metagenomic studies

Enviado: 28 de octubre de 2024

Gauddy Lizeth Manzanares-Leal¹

Aceptado: 5 de noviembre de 2024

Ninfa Ramírez Durán

RESUMEN

Los centros penitenciarios del Estado de México albergan a mujeres con hijas e hijos de hasta 3 años, pero las instalaciones suelen ser inadecuadas para esta población vulnerable. Esta población suele carecer de productos básicos de higiene y reciben alimentación precaria, factores que en entornos cerrados y hacinados aumentan el riesgo de enfermedades. La cavidad bucal, importante para la salud humana, alberga una microbiota que influye en el desarrollo endocrino, nutricional e inmunológico. Este estudio tuvo como objetivo explorar la microbiota bacteriana oral de 19 mujeres en prisión y sus hijos e hijas, así como de cinco mujeres embarazadas en cinco Centros Penitenciarios. Se obtuvieron hisopados bucales, de los cuales se aislaron 42 cepas, incluyendo bacterias y levaduras. Ocho cepas bacterianas representativas se sometieron a secuenciación del gen 16S rRNA, identificándose ocho especies bacterianas clave. Este estudio pionero ofrece información relevante sobre la microbiota oral en un contexto de crianza en prisión, señalando la necesidad de estudios metagenómicos futuros.

PALABRAS CLAVE: Crianza del niño, prisión, bacteriología, infancia.

ABSTRACT

The penitentiary centers in the State of Mexico house women with children up to 3 years old, but these facilities often lack adequate conditions for this vulnerable population. Reports indicate that these individuals lack access to basic hygiene products and receive inadequate nutrition, factors that increase the risk of disease in closed, crowded environments. The oral cavity, essential for human health, hosts microbiota that influences endocrine, nutritional, and immune development. This study aimed to explore the oral bacterial microbiota of 19 incarcerated mothers and their children, as well as five pregnant women in five penitentiary centers. Oral swab samples were collected, and 42 strains were isolated, including bacteria and yeasts. Eight representative bacterial strains underwent 16S rRNA gene sequencing, identifying eight key bacterial species. This pioneering study provides relevant data on the oral microbiota in the context of prison-based child-rearing, underscoring the need for future studies using metagenomic methods.

KEYWORDS: Child rearing, prison, bacteriology, childhood

¹ Laboratorio de Investigación en Microbiología Médica y Ambiental, Facultad de Medicina, UAEMéx.

Contacto: glmanzanaresl001@profesor.uaemex.mx, glml20@hotmail.com

Introducción

En México y en la mayor parte del mundo, de acuerdo con las reglas de Bangkok (United Nations General Assembly, 2010), las niñas y niños tienen el derecho de permanecer con sus madres en prisión, atendiendo el interés superior de la niñez (van den Bergh *et al.*, 2011; Van Hout and Mhlanga-Gunda, 2019). Estas mismas reglas internacionales establecen que estos niños y niñas jamás deben ser tratados como presos y deberán disponer de servicios de salud y atenciones médicas permanentes en toda su estadía en el centro penitenciario. También se buscará que el entorno en el que se desarrollen sea el mismo que el de las niñas y niños que no viven en prisión. A pesar de estas consideraciones, este grupo poblacional es particularmente vulnerable y poco investigado, y sus circunstancias relacionadas con la privación de la libertad rara vez son estudiadas.

En el 2023 en México, 317 mujeres vivían con sus hijas e hijos menores de tres años en diversos Centros Penitenciarios y de Reinserción Social (CPRS). A nivel nacional, se registraron 325 menores de edad viviendo en estos centros, 170 niñas y 155 niños, de los cuales 24 residen en CPRS del Estado de México (INEGI, 2023b, 2023a). Desde su fundación, los centros penitenciarios se han construido y administrado para hacer frente a las necesidades de la mayoría masculina (van den Bergh *et al.*, 2011). En 2022, se informó que solo el 45% de los CPRS contaban con áreas maternas especializadas y solo el 23% disponía de alojamientos adecuados para las mujeres y sus hijas e hijos (INEGI, 2023a).

En general, la población privada de su libertad suele tener un bajo nivel educativo, proceden de grupos socioeconómicamente desfavorecidos y tienen estilos de vida poco saludables y adicciones que contribuyen a una mala salud y los ponen en riesgo de contraer enfermedades (van den Bergh *et al.*, 2011). Aunado a ello, las mujeres en prisión generalmente experimentan problemas de salud específicos de su sexo, relacionados con la menstruación, el embarazo, el parto, el desarrollo de ciertas formas de cáncer y de algunas enfermedades orales (Ackermann, 2014; Alves *et al.*, 2023), así como problemas relacionados con el cuidado de sus hijas e hijos dentro y fuera de la prisión (Ackermann, 2014).

Las condiciones higiénicas en los CPRS suelen ser deficientes, exacerbadas por el hacinamiento, la falta de ventilación y el acceso limitado a servicios básicos (Mhlanga-Gunda *et al.*, 2020). La distribución de suministros de higiene personal es casi desconocida. El Censo Nacional del Sistema Penitenciario Federal y Estatal 2023 (INEGI, 2023a) informó que se realizó la entrega individual de jabón, gel antibacterial, papel higiénico, pasta de dientes, cepillos de dientes, shampoo, toallas femeninas, así como toallas, pañales y leche en polvo para lactantes, pero no especificó la distribución por sexo ni su alcance para madres y sus hijas e hijos. Esto conduce a una falta de condiciones sanitarias adecuadas y que está asociada con un aumento en la prevalencia de enfermedades infecciosas como VIH, hepatitis B y C, y tuberculosis (Garcés Tabares, 2017). En particular, y como parte del objetivo de este estudio destacamos que estas condiciones sanitarias también pueden propiciar la proliferación de bacterias orales patógenas, afectando la microbiota bacteriana oral y aumentando el riesgo de problemas dentales, enfermedades orales y sistémicas.

La salud oral es crucial para el desarrollo y bienestar general de las niñas y niños (Tuganbaev, Yoshida and Honda, 2022); las infecciones orales no tratadas pueden llevar a complicaciones graves que afectan la salud general, la nutrición y la calidad de vida (Gao *et al.*, 2018). Se ha descrito que fuera de los entornos penitenciarios, la microbiota oral desempeña un papel crucial en el mantenimiento de la salud bucal y general. Esta comunidad microbiana ayuda a prevenir la colonización de patógenos mediante la competencia por nutrientes y la producción de sustancias antimicrobianas. Además, participa en procesos como la digestión inicial de alimentos, la modulación del sistema inmunológico, y la protección de las superficies mucosas y dentales (Gao *et al.*, 2018). Sin embargo, cuando se desequilibra o se torna disbiótica, puede conducir a una serie de problemas de salud, incluyendo enfermedades periodontales, caries, halitosis, y un mayor riesgo de infecciones sistémicas (Hayes *et al.*, 2018; Tuominen and Rautava, 2021; Peng *et al.*, 2022; Sun *et al.*, 2023). A largo plazo, una microbiota oral no saludable ha sido asociada con enfermedades crónicas, como la diabetes mellitus, enfermedades cardiovasculares, e incluso complicaciones en el embarazo (Saadaoui, Singh and Al Khodor, 2021; Hernández-Ruiz *et al.*, 2022; Hou *et al.*, 2022).

Esta microbiota puede transmitirse de manera vertical y horizontal (Valles-Colomer *et al.*, 2023). La transmisión vertical ocurre principalmente de la madre a las hijas e hijos durante el nacimiento y a través de prácticas como la lactancia, lo que establece la base inicial de la microbiota oral en el recién nacido (Kaan, Kahharova and Zaura, 2021). Por otro lado, la transmisión horizontal se refiere al intercambio de microorganismos entre personas a lo largo de la vida, a través de interacciones cotidianas como compartir utensilios, besos, o incluso la convivencia en un mismo entorno (Mukherjee *et al.*, 2021). Estos mecanismos de transmisión juegan un papel fundamental en la composición y diversidad de la microbiota oral a lo largo del tiempo, influyendo en la salud bucal y general de las personas.

Actualmente, no existen estudios que aborden específicamente la composición de la microbiota bacteriana oral en niñas y niños que viven con sus madres en centros penitenciarios. La investigación en este contexto es escasa, y la mayoría de los estudios sobre microbiota oral se han centrado en poblaciones generales o en entornos no carcelarios. Debido a este vacío en la literatura científica se planteó el objetivo de describir la microbiota bacteriana oral cultivable de niñas y niños que viven en un contexto de crianza en prisión en centros penitenciarios del Estado de México con un enfoque exploratorio que permita establecer la importancia de realizar estudios subsecuentes basados en métodos de análisis metagenómicos.

Metodología

Se realizó un estudio descriptivo, transversal, en el que se incluyeron madres (n=19) y sus hijas o hijos con crianza en prisión (n=19), así como mujeres embarazadas (n=5). En primer lugar, se les invitó a participar en el estudio, se les explicó el objetivo de este y los procedimientos a realizar, posteriormente, las mujeres que estuvieron de acuerdo con participar firmaron el debido consentimiento informado, así como el respectivo asentimiento informado para autorizar la participación de sus hijas o hijos. Posteriormente se aplicó un cuestionario para obtener datos sobre el entorno penitenciario, sus hábitos de higiene oral y el de las niñas y los niños bajo su crianza en prisión y los hábitos nutricionales.

Obtención de las muestras

Se recolectaron muestras de hisopados orales en cinco CPRS del Estado de México. Las muestras fueron obtenidas entre noviembre del 2023 y enero del 2024. Para la obtención de las muestras se siguieron principios bioéticos, por lo que los procedimientos no fueron invasivos y se optó por instruir a las madres para realizar la auto toma de muestras, así como para que ellas mismas tomaran la muestra de su hija o hijo. Las indicaciones dadas consistieron en enseñarles como tomar el hisopo, el tiempo que debían tardar en tomar la muestra y el orden en el que se tomaría, abarcando toda la cavidad oral (dientes, lengua, carrillos y paladar). Posteriormente bajo la supervisión de las investigadoras responsables se verificó la adecuada toma de la muestra.

Procesamiento de las muestras

Los hisopos fueron contenidos en solución salina. Una vez en el laboratorio de microbiología y en condiciones de asepsia y esterilidad, se obtuvieron mediante bisturí las fibras del hisopo, se suspendieron en la solución salina de origen y se llevaron a vórtex por 30 segundos. A partir de la solución obtenida se inocularon 100 µL en cajas con agar infusión cerebro corazón (BHI) (BD BIOXON, 214700), que fueron posteriormente incubadas a 37°C por 24 a 48 h, hasta verificar el crecimiento microbiológico. A partir de los crecimientos masivos se seleccionaron colonias representativas, se aislaron y purificaron. Una vez obtenidas cepas puras, se caracterizaron macroscópicamente mediante la descripción de las colonias y microscópicamente mediante la visualización de la morfología, agrupación y respuesta al Gram.

Extracción de ADN genómico, PCR y Electroforesis

A partir de las cepas caracterizadas fenotípicamente como bacterias, se recolectó biomasa y se realizó extracción de DNA genómico mediante choque térmico. Para este procedimiento se suspendieron dos colonias aisladas y puras en 50 µL de agua mili Q estéril y se incubaron en termociclador a 96°C por 10 minutos. A partir del ADN obtenido se amplificó el gen 16S rRNA mediante PCR utilizando Taq DNA Polimerasa (Meridian Bioscience, BIO-21135) y los primers universales 1492R y 8F. Para visualizar los productos de amplificación, se realizó una electroforesis en gel de agarosa al 1%.

Secuenciación del gen 16S rRNA e identificación de especies bacterianas

Los productos de PCR fueron enviados a MacroGen Korea para la secuenciación genética. Posteriormente, la limpieza de las secuencias se realizó con el programa bioinformático Chromas pro versión 2.1.10.1, el ensamblaje de las secuencias se realizó por medio del software BioEdit (versión 7.2) y la identificación se realizó por comparación con secuencias contenidas en la base de datos Basic Local Alignment Search Tool (BLAST).

Análisis estadístico

Para analizar la distribución de las especies bacterianas predominantes entre los diferentes grupos poblacionales y por CPRS, se empleó una prueba de diferencia de proporciones utilizando el estadístico chi-cuadrado. Los valores de p resultantes se interpretaron con un nivel de significancia del 0.05 para determinar la relevancia estadística de las diferencias en la distribución de las especies bacterianas.

Resultados

Las 19 mujeres invitadas al estudio y que firmaron el consentimiento informado proporcionaron la muestra para su análisis, así como las 19 niñas y niños que viven respectivamente con sus madres en prisión. Así mismo, las 5 mujeres embarazadas en los CPRS proporcionaron su muestra, por lo que se contó con 43 muestras para su análisis.

Entorno penitenciario, hábitos de higiene oral y hábitos nutricionales.

Respecto a los resultados obtenidos a través del análisis del cuestionario aplicado se encontró que, en las áreas materno-infantiles de los entornos penitenciarios evaluados, las condiciones generales, como ventilación, acceso a baños y agua potable, son adecuadas y similares en todos los CPRS. En cuanto a la higiene oral, la frecuencia de cepillado entre las mujeres varía, con una mayoría en el CPRS 2 y el CPRS 3 cepillándose tres veces al día, mientras que en otros CPRS la práctica es menos consistente. Para las niñas y los niños, la frecuencia de higiene oral es irregular. Estos datos pueden observarse en la Tabla 1.

Análisis microbiológico

Se obtuvieron 42 cepas aisladas y puras. De estas, 8 se describieron morfológicamente como levaduras de acuerdo con sus características macro y microscópicas. Las 34 cepas restantes se describieron como bacterias. A partir de ellas se formaron 8 grupos morfológicos encontrando cinco grupos conformados por cocos Gram positivos, pero con crecimiento macroscópico distinto, un grupo de cocos Gram negativos, un grupo de bacilos Gram negativos y un grupo de bacilos Gram positivos.

Identificación bacteriana

A partir de los ocho grupos descritos se tomó una cepa representativa para su secuenciación, por lo tanto, 8 cepas fueron enviadas al servicio de secuenciación. Después del análisis bioinformático se identificaron 8 especies distintas. Las especies bacterianas identificadas se describen en la Tabla 2.

Distribución de las especies bacterianas por grupo poblacional y por CPRS

Una vez identificadas las especies bacterianas predominantes, se analizó su distribución por grupo poblacional y por CPRS. Se observó que *Staphylococcus epidermidis* fue más prevalente en mujeres embarazadas (40%), mientras que en madres (25%) y en niñas y niños (20%), su presencia fue casi la mitad. Por otro lado, *Streptococcus sanguinis* se encontró con mayor frecuencia en las madres (25%), seguido de las mujeres embarazadas (20%) y de las niñas y niños (10%). *Exiguobacterium aurantiacum* se detectó en casi el 50% de las mujeres embarazadas (48%), pero en menos del 10% de las madres y de las niñas y niños.

Esta diferencia fue estadísticamente significativa al aplicar la prueba de diferencia de proporciones mediante chi-cuadrado ($p = 0.04$). En cuanto a *Raoultella ornithinolytica*, se encontró en el 40% de las madres, seguido de un 20% en las mujeres embarazadas y un 15% en las niñas y niños, con una diferencia también significativa ($p = 0.05$). Las especies *Streptococcus salivarius*, *S. koreensis*, y *S. cristatus* se distribuyeron de manera similar en los tres grupos, con porcentajes inferiores al 30%. Finalmente, *Neisseria perflava* mostró mayor prevalencia en las madres (30%).

En cuanto a la distribución bacteriana por CPRS, se observó que en el CPRS 1 todas las especies se encontraron en aproximadamente el 20% de la población, sin que ninguna especie predominara sobre las demás. En el CPRS 2, no se detectó la presencia de *Staphylococcus epidermidis*, siendo *Raoultella ornithinolytica* la especie más destacada, con una prevalencia superior al 40% (43%), esta diferencia fue estadísticamente significativa ($p = 0.03$). En el CPRS 3, todas las especies se distribuyeron de manera uniforme, con presencia en alrededor del 30% de la población. En el CPRS 4, se observó una alta proporción de *S. epidermidis*, presente en casi el 60% de las muestras (58%), mientras que el resto de las especies se distribuyeron uniformemente, con una prevalencia inferior al 50%. Finalmente, en el CPRS 5, se encontró una alta presencia de *Exiguobacterium aurantiacum*, que estuvo presente en casi el 60% de la población (58%), en contraste con su menor presencia en los demás CPRS, donde se detectó en menos del 30% de la población, esta diferencia fue estadísticamente significativa ($p = 0.02$).

Discusión

Diversos estudios sobre la microbiota oral, han identificado que el género que más ha predominado en tejidos blandos, lengua y saliva es *Streptococcus* spp. y bacterias como las del género *Actinomyces* que se encuentran principalmente en cavidades gingivales, supragingivales (Arweiler and Netuschil, 2016). En este estudio se encontró que el 50% de las especies identificadas pertenecen al género *Streptococcus*. El género *Neisseria* también se ha determinado en diversos estudios como parte importante de la microbiota oral de individuos adultos sanos e inclusive en poblaciones aisladas se ha identificado como el género más predominante de las Proteobacterias (Liu, Tang and Exley, 2015). En nuestro estudio, de las 8 especies identificadas, una es perteneciente a la especie *Neisseria perflava* y es importante resaltar que en concordancia con lo dicho anteriormente, aquí también ha sido identificada de una población que se encuentra aislada.

Las mujeres embarazadas presentaron más del 20% de aislamientos por cada bacteria, siendo la población de la que más se aislaron cepas, diversos estudios han demostrado un aumento y proliferación de bacterias pertenecientes a la microbiota oral (*Streptococcus*, *Lactobacillus*, *Escherichia*) así como también de patógenos periodontales esto debido a la estimulación hormonal que hay durante esta etapas y diversos cambios de alimentación que pueden ayudar a este aumento (Saadaoui, Singh and Al Khodor, 2021). Las bacterias más aisladas de nuestro estudio en la población de mujeres embarazadas fueron *Staphylococcus epidermidis* y *Raoultella ornithinolytica*. La mayor prevalencia de *Staphylococcus epidermidis* en mujeres embarazadas podría sugerir cambios en el entorno microbiano asociados al estado inmunológico o fisiológico durante el embarazo, lo que merece una exploración más profunda. En otro estudio sobre el perfil de microbiota de mujeres embarazadas hasta el tercer trimestre de embarazo se encontró un mayor aumento de bacterias patógenas como *Prevotella*, *Atopobium parvulum* (Gómez, Acuña and Izquierdo, 2023), no coincidente con lo que reportamos.

En este estudio el grupo poblacional conformado por madres en prisión mostró una mayor abundancia bacteriana a nivel oral. Las bacterias que se aislaron con más frecuencia en las madres fueron *R. ornithinolytica*, *S. epidermidis*, y *S. sanguinis*. Diversos estudios demuestran que la microbiota de la madre está estrechamente relacionada con la microbiota de sus hijas o hijos, por ejemplo, *Streptococcus mutans* es una bacteria que se aísla de cavidad oral principalmente asociado a caries, se ha determinado que la madre hereda hasta en un 70% esta bacteria a sus hijas e hijos (da Silva Bastos *et al.*, 2015).

Otras bacterias que predominaron en esta población fueron *E. auratiacum* y *R. ornithinolytica*, la primera se aisló por primera vez en 1983 en papas, suele aislarse de una variedad de muestras ambientales, pero rara vez de pacientes. Hay un reporte de esta especie en un paciente con periodontitis (Zijnga *et al.*, 2003), otros reportes la han logrado aislar de sangre, pero de pacientes inmunosuprimidos y de pacientes con hábitos de vida pocos saludables (Pitt *et al.*, 2007). *Raoultella ornithinolytica* fue la segunda bacteria más aislada en esta población, se ha reportado que se encuentra generalmente en ambientes acuáticos y suelo (Hajjar *et al.*, 2020). Se considera un microorganismo emergente en infecciones humanas, con varios informes de infecciones virulentas en pacientes con riesgo comórbido (Hajjar *et al.*, 2020). A nivel oral existe el reporte de dos pacientes que utilizaban prótesis dental y que presentaron esta bacteria (Derafshi *et al.*, 2017).

Streptococcus sanguinis, *Exiguobacterium auratiacum* y *Roultella ornithinolytica* fueron las únicas bacterias que se presentaron en los 5 CPRS en los que se realizó la investigación, y la que menos se presentó fue *S. koreensis* que solo se presentó en 3 CPRS. Como se mencionó anteriormente diversos estudios de microbiota oral aseguran que es común encontrar bacterias del género *Streptococcus* habitando la cavidad oral, por lo que podríamos esperar que en los 5 CPRS encontráramos este género; por el contrario las otras dos especies más comunes fueron *Exiguobacterium auratiacum* y *Roultella ornithinolytica* de las cuales no se ha reportado su presencia en la microbiota oral y no tenemos reporte de estas bacterias en este tipo de entornos.

En cuanto al impacto en la salud por la presencia de estas especies bacterianas, se ha reportado que *S. sanguinis* se relaciona con el desarrollo de caries, endocarditis, bacteriemia, e incluso cáncer colorrectal (Nijjer and Dubrey, 2010; Chen *et al.*, 2017; Zhu *et al.*, 2018). *R. ornithinolytica* ha sido relacionada con infecciones oportunistas, particularmente en el tracto urinario y respiratorio (Hajjar *et al.*, 2020). Las condiciones de hacinamiento, la mala ventilación y el saneamiento inadecuado en los centros penitenciarios podrían facilitar su transmisión y contribuir a problemas de salud respiratoria y urinaria. *S. epidermidis* es conocida por causar infecciones sistémicas en individuos inmunocomprometidos o en condiciones de salud vulnerables y a menudo es resistente a múltiples antibióticos, lo que podría complicar su tratamiento en entornos donde el acceso a medicamentos y cuidados médicos es limitado (Severn and Horswill, 2023). *E. auratiacum* se ha reportado en infecciones en ambientes hospitalarios y puede causar enfermedades en personas con sistemas inmunodeficientes (Gusman *et al.*, 2021). Es necesario realizar estudios longitudinales que involucren el análisis del desarrollo de estas patologías y su relación con las bacterias detectadas en esta población.

Entre las limitaciones de nuestro estudio, se debe destacar que muchas bacterias que habitan en la cavidad oral requieren condiciones específicas para su desarrollo, y esto a menudo implica el uso de medios de cultivo especializados. El uso de únicamente agar BHI podría haber restringido el crecimiento de algunas bacterias comunes en la cavidad oral. Por lo tanto, es posible que se pudiera identificar una mayor diversidad de especies bacterianas si se emplearan otros métodos de identificación, por ejemplo, los estudios metagenómicos.

Además, *Streptococcus mutans*, una bacteria estrechamente asociada con la formación de caries no fue detectada en nuestro estudio. Esta ausencia puede deberse a diversas hipótesis, incluyendo la limitada disponibilidad de productos cariogénicos en los entornos estudiados, así como a nuestro método de aislamiento, dado que *S. mutans* suele requerir condiciones anaerobias para su crecimiento. Recomendamos realizar estudios adicionales que investiguen la presencia de esta bacteria en particular para evaluar el riesgo de desarrollo de caries en esta población vulnerable.

Conclusiones

Se observó crecimiento de bacterias asociadas a la microbiota oral, como aquellas pertenecientes a los géneros *Streptococcus*, *Staphylococcus* y *Neisseria*, que confirman la presencia de microbiota oral considerada normal. Sin embargo, hasta este reporte no se habían documentado aislamientos de *Exiguobacterium auratiacum* y *Roultella ornithinolytica* en la microbiota oral y aún menos, en la microbiota oral de madres, niñas y niños con crianza actual en prisión, así como en mujeres embarazadas. La alimentación, las prácticas de higiene y el entorno pueden desempeñar un papel crucial en el crecimiento de estos microorganismos.

En conjunto, aunque algunas de las bacterias encontradas son comensales, otras tienen un potencial considerable para volverse patógenas en condiciones adversas o de inmunodeficiencia como las de los centros penitenciarios, donde el hacinamiento, la falta de acceso a productos de higiene, la desnutrición y la atención médica deficiente son comunes.

El estudio exploratorio realizado proporciona una valiosa perspectiva sobre la distribución de especies bacterianas en diferentes grupos poblacionales dentro del entorno penitenciario. Los hallazgos obtenidos, aunque preliminares, sugieren patrones diferenciados en la prevalencia de ciertas especies, lo que subraya la importancia de realizar investigaciones más profundas.

Estos resultados sirven como base para proponer estudios metagenómicos detallados que permitan una caracterización más exhaustiva de la microbiota oral y su relación con factores biológicos y ambientales específicos de estos grupos, contribuyendo así a una mejor comprensión de las interacciones microbianas en poblaciones vulnerables como la población penitenciaria.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Ackermann, M. (2014) 'Women in pre-trial detention in Africa, a review of the literature', *Community Law Centre, University of the Western Cape*, available at: https://acjr.org.za/resource-centre/WomenInPreTrialDetention_V2.pdf (accessed 19 May 2018).

Alves, J. et al. (2023) 'Assessment of the Health Status of Women in Prison: A Comparison between Drug Users versus Non-users.', *International journal of offender therapy and comparative criminology*, 67(16), pp. 1615–1629. doi: 10.1177/0306624X221132218.

Arweiler, N. B. and Netuschil, L. (2016) 'The Oral Microbiota.', *Advances in experimental medicine and biology*, 902, pp. 45–60. doi: 10.1007/978-3-319-31248-4_4.

van den Bergh, B. J. et al. (2011) 'Imprisonment and women's health: concerns about gender sensitivity, human rights and public health.', *Bulletin of the World Health Organization*, 89(9), pp. 689–694. doi: 10.2471/BLT.10.082842.

Chen, F.-L. et al. (2017) 'Streptococcus sanguis bacteremia complicating endocarditis associated with colonic adenocarcinoma.', *Journal of microbiology, immunology, and infection = Wei mian yu gan ran za zhi*. England, pp. 399–400. doi: 10.1016/j.jmii.2016.11.002.

- Derafshi, R. *et al.* (2017) 'Isolation and Identification of Nonoral Pathogenic Bacteria in the Oral Cavity of Patients with Removable Dentures.', *Journal of International Society of Preventive & Community Dentistry*, 7(4), pp. 197–201. doi: 10.4103/jispcd.JISPCD_90_17.
- Gao, L. *et al.* (2018) 'Oral microbiomes: more and more importance in oral cavity and whole body.', *Protein & cell*, 9(5), pp. 488–500. doi: 10.1007/s13238-018-0548-1.
- Garcés Tabares, J. E. (2017) 'Enfermedades infecciosas más prevalentes en los centros penitenciarios y carcelarios de Colombia'.
- Gómez, V. L. C., Acuña, J. E. C. and Izquierdo, L. A. V. (2023) 'Alteraciones Hormonales en el Embarazo y su Influencia en el Desequilibrio de la Microbiota Oral. Revisión de la Literatura', *Ciencia Latina Revista Científica Multidisciplinar*, 7(5), pp. 1742–1759.
- Gusman, V. P. *et al.* (2021) 'First Isolation of *Exiguobacterium aurantiacum* in Serbia.', *Polish journal of microbiology*, 70(3), pp. 405–407. doi: 10.33073/pjm-2021-037.
- Hajjar, R. *et al.* (2020) 'Raoultella ornithinolytica: Emergence and Resistance.', *Infection and drug resistance*, 13, pp. 1091–1104. doi: 10.2147/IDR.S191387.
- Hayes, R. B. *et al.* (2018) 'Association of Oral Microbiome With Risk for Incident Head and Neck Squamous Cell Cancer.', *JAMA oncology*, 4(3), pp. 358–365. doi: 10.1001/jamaoncol.2017.4777.
- Hernández-Ruiz, P. *et al.* (2022) 'Relación entre la disbiosis de la microbiota oral y la enfermedad cardiovascular aterosclerótica.', *Archivos de cardiología de México*, 92(3), pp. 371–376. doi: 10.24875/ACM.21000198.
- Hou, K. *et al.* (2022) 'Microbiota in health and diseases.', *Signal transduction and targeted therapy*, 7(1), p. 135. doi: 10.1038/s41392-022-00974-4.
- Van Hout, M.-C. and Mhlanga-Gunda, R. (2019) "'Mankind owes to the child the best that it has to give": prison conditions and the health situation and rights of children incarcerated with their mothers in sub-Saharan African prisons.', *BMC international health and human rights*, 19(1), p. 13. doi: 10.1186/s12914-019-0194-6.
- INEGI (2023a) *Censo Nacional de Sistema Penitenciario Federal y Estatales 2023 Presentación de resultados generales*, Gobierno de México. Available at: https://www.inegi.org.mx/contenidos/programas/cnspef/2023/doc/cnsipef_2023_resultados.pdf.
- INEGI (2023b) *Encuesta Nacional de Población Privada de la Libertad ENPOL 2021, Principales Resultados Estado de México*, Gobierno de México. Available at: https://www.inegi.org.mx/contenidos/programas/enpol/2021/doc/enpol2021_mex.pdf.
- Kaan, A. M. M., Kahharova, D. and Zaura, E. (2021) 'Acquisition and establishment of the oral microbiota.', *Periodontology 2000*, 86(1), pp. 123–141. doi: 10.1111/prd.12366.
- Liu, G., Tang, C. M. and Exley, R. M. (2015) 'Non-pathogenic *Neisseria*: members of an abundant, multi-habitat, diverse genus.', *Microbiology (Reading, England)*, 161(7), pp. 1297–1312. doi: 10.1099/mic.0.000086.

- Mhlanga-Gunda, R. *et al.* (2020) 'Prison conditions and standards of health care for women and their children incarcerated in Zimbabwean prisons.', *International journal of prisoner health*, 16(3), pp. 319–336. doi: 10.1108/IJPH-11-2019-0063.
- Mukherjee, C. *et al.* (2021) 'Acquisition of oral microbiota is driven by environment, not host genetics.', *Microbiome*, 9(1), p. 54. doi: 10.1186/s40168-020-00986-8.
- Nijjer, S. and Dubrey, S. W. (2010) 'Streptococcus sanguis endocarditis associated with colonic carcinoma.', *BMJ case reports*, 2010. doi: 10.1136/bcr.09.2009.2311.
- Peng, X. *et al.* (2022) 'Oral microbiota in human systematic diseases.', *International journal of oral science*, 14(1), p. 14. doi: 10.1038/s41368-022-00163-7.
- Pitt, T. L. *et al.* (2007) 'Characterisation of Exiguobacterium aurantiacum isolates from blood cultures of six patients', *Clinical microbiology and infection*, 13(9), pp. 946–948.
- Saadaoui, M., Singh, P. and Al Khodor, S. (2021) 'Oral microbiome and pregnancy: A bidirectional relationship.', *Journal of reproductive immunology*, 145, p. 103293. doi: 10.1016/j.jri.2021.103293.
- Severn, M. M. and Horswill, A. R. (2023) 'Staphylococcus epidermidis and its dual lifestyle in skin health and infection.', *Nature reviews. Microbiology*, 21(2), pp. 97–111. doi: 10.1038/s41579-022-00780-3.
- da Silva Bastos, V. de A. *et al.* (2015) 'Mother-to-child transmission of Streptococcus mutans: a systematic review and meta-analysis.', *Journal of dentistry*, 43(2), pp. 181–191. doi: 10.1016/j.jdent.2014.12.001.
- Sun, Y. *et al.* (2023) 'Characterization of Lung and Oral Microbiomes in Lung Cancer Patients Using Culturomics and 16S rRNA Gene Sequencing.', *Microbiology spectrum*, 11(3), p. e0031423. doi: 10.1128/spectrum.00314-23.
- Tuganbaev, T., Yoshida, K. and Honda, K. (2022) 'The effects of oral microbiota on health.', *Science (New York, N.Y.)*, 376(6596), pp. 934–936. doi: 10.1126/science.abn1890.
- Tuominen, H. and Rautava, J. (2021) 'Oral Microbiota and Cancer Development.', *Pathobiology: journal of immunopathology, molecular and cellular biology*, 88(2), pp. 116–126. doi: 10.1159/000510979.
- United Nations General Assembly (2010) *United Nations Rules for the Treatment of Women Prisoners and Non-custodial Measures for Women Offenders (the Bangkok Rules)*. Available at: <https://www.un.org/ruleoflaw/files/BangkokRules-ENG.pdf>.
- Valles-Colomer, M. *et al.* (2023) 'The person-to-person transmission landscape of the gut and oral microbiomes.', *Nature*, 614(7946), pp. 125–135. doi: 10.1038/s41586-022-05620-1.
- Zhu, B. *et al.* (2018) 'Streptococcus sanguinis biofilm formation & interaction with oral pathogens.', *Future microbiology*, 13(8), pp. 915–932. doi: 10.2217/fmb-2018-0043.
- Zijngel, V. *et al.* (2003) 'Denaturing gradient gel electrophoresis analysis to study bacterial community structure in pockets of periodontitis patients', *Oral microbiology and immunology*, 18(1), pp. 59–65.