

Disbiosis de la microbiota oral bajo el lente de las técnicas moleculares: de la alteración microbiana a la enfermedad

Oral microbiota dysbiosis under the lens of molecular techniques: from microbial alteration to disease

Laura Sofía Aponte-Quevedo^{abcd}, Gabriela Cutiva-Daza^{abce}, Ana Sofía Alvarado-Bautista^{acbf},
Ana Sofía Díaz-Camargo^{abcg}, Luz Andrea García-Caycedo^{bh}, Freddy Rodríguez-Saza^{abci}

^a *PhyloGenomics*, Semillero de Investigación en Filogenética, Evolución y Ciencias Ómicas, Facultad de Ciencias Matemáticas y Naturales, Universidad Distrital Francisco José de Caldas, Colombia

^b *Micrap*, Semillero de Investigación en Microbiología Aplicada, Grupo de Investigación en Biodiversidad de Alta Montaña, Facultad de Ciencias Matemáticas y Naturales, Universidad Distrital Francisco José de Caldas, Colombia

^c Colegio Colombiano de Neurociencias, Colombia

^d lsaponteq@udistrital.edu.co | <https://orcid.org/0009-0003-3789-7536>

^e gcutivad@udistrital.edu.co | <https://orcid.org/0009-0006-9039-0357>

^f asalvaradob@udistrital.edu.co | <https://orcid.org/0009-0004-9227-1410>

^g asdiacz@udistrital.edu.co | <https://orcid.org/0009-0004-5809-588X>

^h lagarcia@udistrital.edu.co | <https://orcid.org/0009-0006-6574-2277>

ⁱ frdriguez@udistrital.edu.co | <https://orcid.org/0000-0001-9709-4258>

Citacion: Aponte-Quevedo, L. S., Cutiva-Daza, G., Alvarado-Bautista, A. S., Díaz-Camargo, A. S., García-Caycedo, L. A., Rodríguez-Saza, F. (2025). Disbiosis de la microbiota oral bajo el lente de las técnicas moleculares: de la alteración microbiana a la enfermedad. *Mutis*, 15(2), 1-27. <https://doi.org/10.21789/22561498.2171>

Recibido: 3 de junio de 2025
Aceptado: 19 de agosto de 2025

Copyright: © 2025 por los autores. Licenciado para *Mutis*. Este artículo es un artículo de acceso abierto distribuido bajo los términos y condiciones de la licencia Creative Commons Attribution (<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>).

RESUMEN

El microbioma oral humano, integrado por más de 1000 especies bacterianas, desempeña un papel esencial en la salud oral y sistémica. Su desequilibrio, conocido como disbiosis, se asocia con patologías como caries, periodontitis y diversas condiciones sistémicas. El objetivo de esta revisión fue examinar, con base en la literatura científica, la relación entre la disbiosis oral y la salud humana, además de describir las técnicas moleculares empleadas para su análisis. Se realizó una búsqueda sistemática en PubMed (2000–2024) utilizando operadores booleanos y palabras clave relacionadas con microbiota oral, enfermedades orales y sistémicas, y técnicas moleculares. Se seleccionaron estudios en humanos que emplearan herramientas genómicas u ómicas, excluyendo revisiones y modelos animales. En total, se incluyeron 51 artículos que cumplieran los criterios de elegibilidad. Los datos fueron organizados en una hoja estandarizada y analizados mediante Python 3.11.11 para identificar tendencias taxonómicas y metodológicas reportadas en la literatura.

Las familias más reportadas en los estudios analizados fueron Streptococcaceae, Prevotellaceae, Porphyromonadaceae, Fusobacteriaceae y Lactobacillaceae. Así mismo, géneros como *Streptococcus* y *Fusobacterium* se asociaron con caries, mientras que *Porphyromonas*, *Tannerella* y *Treponema* se relacionaron con periodontitis. De igual manera, estas bacterias periodontopatógenas mostraron vínculos con enfermedades sistémicas como cáncer y procesos inflamatorios. La evidencia revisada resalta la importancia de caracterizar con precisión la microbiota oral y de incorporar enfoques moleculares avanzados, como la secuenciación de nueva generación y la metagenómica, para comprender este ecosistema y sus implicaciones clínicas.

Palabras clave: microbiota bucal, bacterias orales, disbiosis, técnicas moleculares, secuenciación de nueva generación, metagenómica.

ABSTRACT

The oral bacterial microbiome comprises more than 1,000 reported strains, and its diversity plays a critical role in both oral and systemic health. Disruption of this balance, known as dysbiosis, has been strongly associated with conditions such as caries, gingivitis, periodontitis, and various systemic diseases. This article presents a systematic review of the bacterial composition of the oral microbiota, its relationship with dysbiosis, and the influence of modern molecular techniques, including next-generation sequencing (NGS) and metagenomics. The findings underscore the importance of a multidisciplinary perspective for advancing the study of this complex ecosystem, clarifying its clinical implications, and improving methodological approaches.

Keywords: Oral microbiota, Oral bacteria, Dysbiosis, Molecular techniques, Next-generation sequencing, Metagenomics, Natural sciences.

INTRODUCCIÓN

La cavidad oral es una región anatómica con características estructurales, funcionales y microbiológicas distintas a otras áreas del cuerpo. Está constituida por superficies mucosas (lengua, encías, hendidura subgingival, paladar y mucosa bucal, la cual es una estructura epitelio-conectiva de recubrimiento), tejidos duros (dientes), glándulas exocrinas (salivales), y amígdalas. Cada uno de estos componentes presenta propiedades específicas a nivel estructural, fisicoquímico y biológico que influyen en la conformación y dinámica de la microbiota oral, teniendo en cuenta que esta cavidad funciona como conducto de comunicación entre el medio externo y los tractos digestivo y respiratorio, proporcionando un sustrato anatómico perfecto para la colonización microbiana (Tuominen & Rautava, 2020; Pérez-Salcedo & Bascones, 2010; Giordano-Kelhoffer et al., 2022; Gao et al., 2018).

La microbiota oral está conformada por múltiples microorganismos como bacterias, hongos, virus y protozoos que desempeñan numerosas funciones metabólicas (Del Campo-Moreno et al., 2017). Con más de 700 especies de bacterias identificadas mediante técnicas moleculares como la Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR) y la secuenciación de próxima generación (NGS) (Tuominen & Rautava, 2020; Gao et al., 2018), se sabe que esta microbiota constituye una de las más diversas del cuerpo humano. Estos microorganismos se relacionan de formas complejas conformando comunidades bacterianas que permiten la formación del biofilm (Tuganbaev et al., 2022), una estructura organizada de microorganismos adheridos entre sí a una superficie, cubiertos por una matriz de sustancias extracelulares, que facilita la interacción y la estabilidad de las comunidades microbianas (Karygianni et al., 2020; Tuganbaev et al., 2022).

El equilibrio entre una microbiota sana y el huésped es fundamental para el correcto funcionamiento del cuerpo humano (Gilbert & Neufeld, 2014). En este sentido, en condiciones óptimas, la microbiota cumple funciones esenciales en la salud oral, como mantener el pH, formar biofilms protectores y controlar la colonización de patógenos; adicionalmente, contribuye a la regulación de procesos

inmunológicos y metabólicos (Gilbert & Neufeld, 2014; Wang et al., 2017). Sin embargo, factores como la dieta, el consumo de sustancias tóxicas, una higiene bucal deficiente y el uso de antibióticos pueden alterar este equilibrio, generando un estado de disbiosis, asociado con enfermedades de la cavidad bucal como caries, gingivitis y periodontitis (Takahashi, 2015; Chen et al., 2020). Esta alteración del microbioma también se relaciona con afecciones sistémicas (condiciones de salud que comprometen a varios órganos y/o sistemas) (Deng et al., 2017).

El estudio y la investigación de la microbiota oral están fundamentados en los microbiomas; es decir, en el material genético, los genes, los productos metabólicos y las interacciones de los microorganismos con el entorno (Kumar et al., 2019). Métodos como la PCR, NGS y el análisis metagenómico han facilitado la identificación a nivel de especie de estos microorganismos (Cintrón et al., 2014), proporcionando así una visión detallada de las interacciones microbianas y su papel en la salud del huésped (Cintrón et al., 2014; Siqueira & Rôças, 2022). Este artículo hace una revisión sistemática de las investigaciones actuales sobre el microbioma bacteriano, la disbiosis, su impacto en la salud humana y las técnicas moleculares utilizadas en su diagnóstico.

MATERIALES Y MÉTODOS

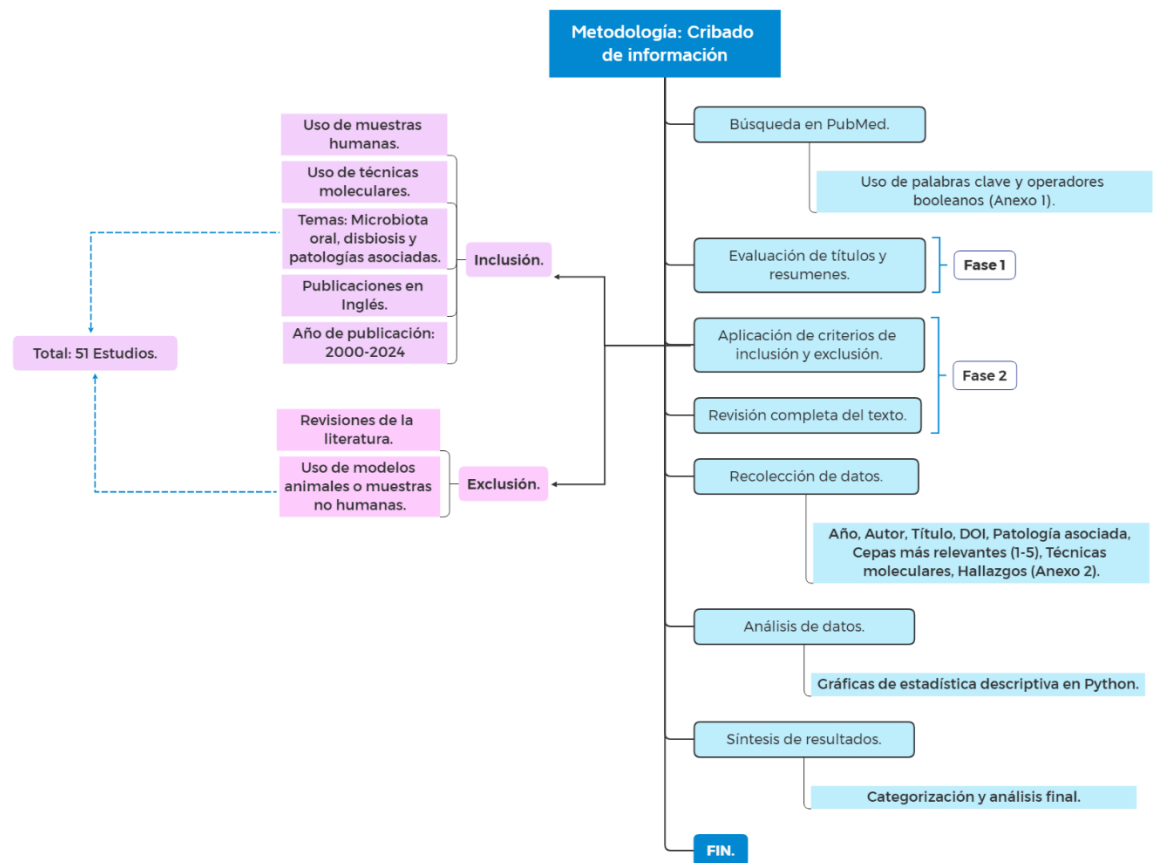
Con el fin de conocer el impacto de la disbiosis bacteriana de la microbiota oral en la salud humana y el papel de las técnicas moleculares en su estudio, se realizó una búsqueda sistemática en PubMed utilizando palabras clave, para optimizar la recuperación de información, se emplearon operadores booleanos AND y OR. La búsqueda incluyó términos sobre microbiota oral, enfermedades sistémicas, patologías orales, procesos biológicos y técnicas de análisis molecular (Anexo 1, parámetros de búsqueda (1)).

Para la selección de estudios se siguió un protocolo basado en las directrices PRISMA (Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analyses), en el cual se incluyeron estudios realizados a partir de muestras humanas publicados entre 2000 y 2024, artículos revisados por pares que emplearan secuenciación de nueva generación (NGS), metagenómica, transcriptómica, metabolómica o métodos bioinformáticos, investigaciones enfocadas en la microbiota oral, su disbiosis y el desarrollo de patologías, artículos de acceso abierto o cerrado, y publicaciones en inglés. Se excluyeron estudios realizados exclusivamente en modelos animales o con muestras de origen diferente al humano, así como revisiones de la literatura.

La selección de estudios se llevó a cabo en dos fases: primero, una evaluación de títulos y resúmenes y, posteriormente, una revisión completa del texto según los criterios de inclusión. En total, se analizaron 51 estudios, para los cuales se extrajeron datos organizados en una hoja de recolección estandarizada con las siguientes variables: fecha de publicación, autores, título del artículo, tipo de estudio, DOI, información taxonómica de las cepas más relevantes (de 1 a 5 cepas por estudio), basada en el Taxonomy Browser del NCBI (filo, clase, orden, familia, género y especie), técnicas moleculares empleadas (metodología), principales hallazgos, base de datos de origen y cita bibliográfica, (Anexo 2, Recolección de datos y clasificación de referencias.xlsx).

Con base en los datos recopilados, se generaron gráficos en Python 3.11.11 con el fin de visualizar la representatividad taxonómica y las tendencias en técnicas moleculares utilizadas en los estudios analizados, omitiendo los reportes asociados a condiciones no reportadas y cepas sin especificar (Anexo 3, figuras y figuras complementarias). Asimismo, los estudios seleccionados fueron analizados y agrupados en categorías temáticas clave, para ilustrar el impacto de la disbiosis de la microbiota oral en la salud. Estos resultados se discuten utilizando fuentes como capítulos de libros y artículos de revisión (Anexo 2, Recolección de datos y clasificación de referencias.xlsx).

Figura 1. Diagrama de flujo del cribado y análisis de información.



Fuente: Elaboración propia.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Microbiota oral

La microbiota oral está formada por al menos 700 especies de microorganismos (Gao et al., 2018), reportándose hasta 1000 cepas bacterianas en la placa dental (Khalid et al., 2017). Los filos de bacterias más prevalentes en el microbioma oral de individuos sanos son: Actinobacteria, Firmicutes, Proteobacteria, Bacteroidetes, y Fusobacteria; entre los géneros más abundantes se encuentran

Streptococcus, *Actinomyces*, *Veillonella*, *Neisseria* y *Fusobacterium* (Anderson et al., 2023; Chen et al., 2018). La composición bacteriana del microbioma oral varía según la salud del individuo y de factores externos que alteran sus características. Afecciones bucales comunes como caries, gingivitis y la enfermedad periodontal se han relacionado con cambios en la composición bacteriana, reportando un aumento en filos bacterianos relacionados con condiciones inflamatorias (Su et al., 2023; Huang et al., 2011).

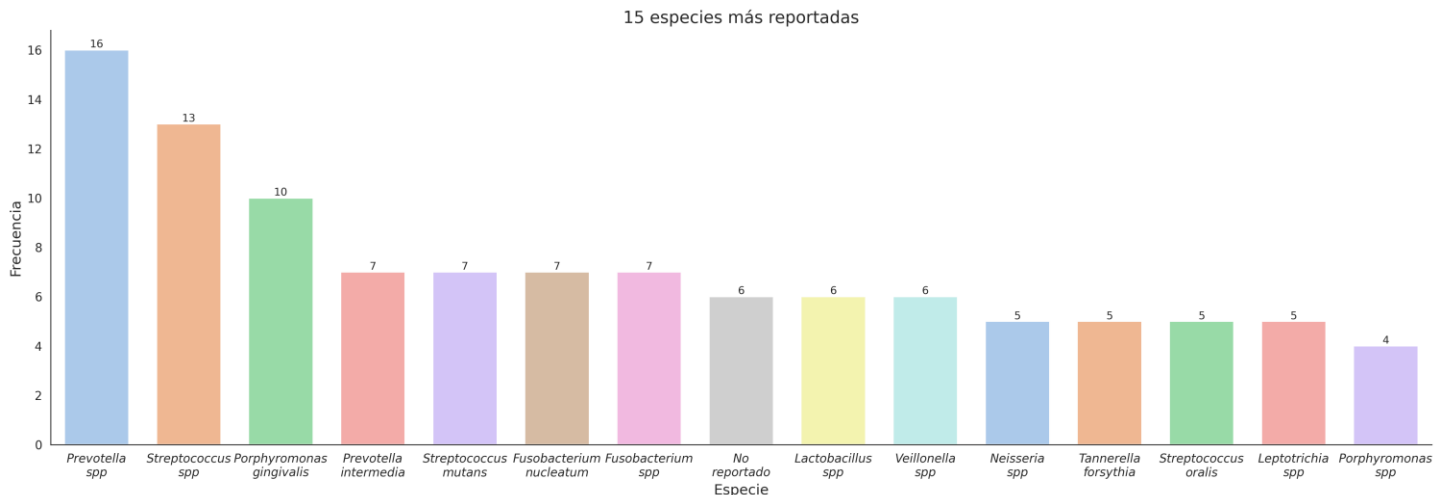
Algunas enfermedades sistémicas también se asocian con variaciones en el microbioma oral. Xi et al. (2019) reportaron que en individuos con anemia ferropénica predominan géneros resistentes a los antibióticos. Matsha et al. (2020) demostraron que la zonificación del microbioma difiere según el estado glucémico en pacientes con diabetes mellitus. En individuos con síndrome de intestino irritable-D se ha observado una disminución de la riqueza microbiana asociada con la exacerbación de los síntomas típicos de la enfermedad (Tanaka et al., 2022). Además de estas enfermedades, el microbioma oral, tiene incidencia en otras afecciones sistémicas, dentro de las cuales se incluyen afecciones cardiovasculares, enfermedades digestivas, cáncer, diabetes, artritis reumatoide, fibrosis quística, enfermedades mentales y trastornos neurodegenerativos como el Alzheimer (Deng et al., 2017; Peng et al., 2022; Santacroce et al., 2023).

Factores exógenos como el consumo de alcohol, tabaco y dietas específicas provocan cambios en el microbioma oral (Mason et al., 2014). El tabaquismo, por ejemplo, está relacionado con una mayor abundancia de especies reductoras de nitrato, adaptadas a la falta de oxígeno en el microambiente de los fumadores. El alcohol, por otra parte, tiene un efecto citotóxico directo sobre las bacterias, alterando las relaciones ecológicas dentro del microbioma (Yadav et al., 2023).

Análogamente, el método de parto y los primeros días de vida de los recién nacidos también afectan la formación y composición inicial de la microbiota oral. Los bebés nacidos por parto vaginal presentan microbiomas más diversos, similares al microbioma vaginal materno, mientras que los nacidos por cesárea tienen microbiomas menos diversos, razón por la cual estos niños suelen ser más propensos a desarrollar condiciones como rinitis alérgica, asma, eczema, obesidad y diabetes (Li et al., 2018). De manera similar, la lactancia también influye en el microbioma del recién nacido, contribuyendo tanto a la formación del microbioma intestinal como al intercambio de bacterias entre la boca y la glándula mamaria de la madre durante la succión (Oba et al., 2020).

A pesar de las múltiples variaciones en la composición del microbioma oral, se encuentra que las familias más reportadas en los estudios de su microbiota son: Streptococcaceae, Prevotellaceae, Porphyromonadaceae, Fusobacteriaceae y Lactobacillaceae. Se identifican algunas especies de bacterias reportadas con mayor frecuencia en los artículos revisados (Figura 2); sin embargo, en muchos casos no se relacionan especies en los artículos, por lo que se identifican como “No reportado”. De acuerdo con los criterios de selección de la información (Anexo 1), las especies más reportadas se suelen asociar con el desarrollo y/o presencia de enfermedades bucodentales como caries, periodontitis y gingivitis.

Figura 2. Especies más frecuentemente reportadas en la literatura revisada. Se muestran las 15 especies con mayor frecuencia de aparición en los artículos analizados.



Fuente: Elaboración propia.

Biofilm y ensamblaje de comunidades bacterianas

El ensamblaje de la microbiota oral está compuesto por múltiples bacterias que difieren en sus hábitos y cumplen múltiples funciones ecológicas y metabólicas (Welch et al., 2020). La cavidad oral está subdividida en microhábitats específicos, cada uno con características propias que favorecen el crecimiento de ciertas cepas especializadas. Se han identificado al menos 9 nichos en esta cavidad, en los cuales el filo Firmicutes es predominante, especialmente el género *Streptococcus*. No obstante, la riqueza de especies de bacterias puede variar de acuerdo con la disponibilidad de oxígeno en los nichos de la cavidad oral (Santacroce et al., 2023; Eren et al., 2014).

El biofilm es una forma avanzada de colonización y ensamblaje del microbioma oral, constituido por agregaciones de microorganismos adheridos entre sí o a una superficie, y cubiertos por sustancias extracelulares producidas por ellos mismos (Karygianni et al., 2020). Este proceso de formación se lleva a cabo en tres fases. La primera es la adhesión del biofilm adquirido, en esta etapa glucoproteínas derivadas de los productos salivales se unen a las distintas superficies bucales, formando una película delgada que da paso a la segunda etapa, la fase de adherencia inicial, en la que las bacterias se unen a esta película a través de atracciones electrostáticas, desencadenando la secreción de una sustancia extracelular que permite a las bacterias permanecer adheridas. Los géneros predominantes en esta etapa son *Actinomyces*, *Streptococcus*, *Haemophilus*, *Capnocytophaga*, *Veillonella*, y *Neisseria* (Huang et al., 2011; Olate et al., 2025).

En la tercera etapa, la fase de maduración, se produce la agregación de otras bacterias sobre las ya ancladas, formando biofilms desarrollados con una estructura segregada, dentro de este grupo se encuentran bacterias de los géneros *Fusobacterium*, *Prevotella*, *Porphyromonas*, *Granulicatella* y *Veillonella* (Olate et al., 2025). En individuos sanos, el biofilm mantiene la señalización célula-célula, la

transferencia de genes y las interacciones antagónicas. Estas funciones contribuyen a prevenir la colonización de especies patógenas en la cavidad oral (Tuganbaev et al., 2022; Marsh & Zaura, 2017). Sin embargo, cuando se pierde la homeostasis en las interacciones del biofilm, pueden desarrollarse afecciones tanto bucales (locales) como orales (sistémicas) (Takahashi, 2015; Chen et al., 2020).

Disbiosis de la microbiota oral

La disbiosis de la microbiota oral es un proceso caracterizado por la alteración de la composición microbiana normal de la cavidad oral, lo que favorece la proliferación de bacterias patógenas debido a cambios en el ecosistema (Zhang et al., 2020). La disbiosis oral puede ser inducida, por factores externos como la dieta, el tabaquismo, el uso de antibióticos, el alcohol, e incluso las sustancias psicoactivas (Kilian et al., 2016, Santacroce et al., 2023).

Los procesos de disbiosis en la cavidad oral se han identificado como un factor determinante para la salud general, debido a que pueden interferir en el sistema inmunológico del huésped, dañando la defensa epitelial de la mucosa oral, acelerando los procesos patológicos y aumentando el riesgo de desarrollar enfermedades dentales severas como la periodontitis o la caries (H. Lu et al., 2016; Bertolini et al., 2019; Yost et al., 2015).

Papel de la disbiosis en el desarrollo de enfermedades bucodentales

Caries

La caries dental es una de las enfermedades bucodentales más comunes a nivel mundial. De acuerdo con la OMS, esta patología reporta una prevalencia global del 29 % en dientes permanentes y del 43 % en dientes deciduales (World Health Organization, 2022). El aumento del consumo de carbohidratos fermentables y la mala higiene bucal pueden alterar la composición microbiana del biofilm dental y su actividad metabólica, favoreciendo el crecimiento de bacterias acidúricas, como *Streptococcus mutans* y especies del género *Lactobacillus*, las cuales metabolizan los carbohidratos presentes en el biofilm y producen ácido láctico (Wolff et al., 2019), lo que conlleva a la desmineralización del esmalte dental causada por la disminución del pH del medio, lo que a su vez desencadena la pérdida de iones de calcio y fósforo, generando el desgaste del esmalte (Sánchez et al., 2022; Maier, 2023).

Se ha documentado que, en individuos sanos, la composición de la microbiota oral es más diversa y tiene una mayor presencia de los filos: Fusobacteria, Veillonella y del género *Streptococcus*. Por el contrario, los pacientes con caries presentan una disminución de la diversidad microbiana, debido al desequilibrio ecológico provocado por el incremento en la disponibilidad de azúcares, lo que favorece el crecimiento de especies como *Atopobium spp.*, *Lactobacillus casei* y *Streptococcus mutans* (Wolff et al., 2019). El aumento de bacterias anaerobias y proteolíticas como *Prevotella* y *Leptotrichia*, está asociado a procesos iniciales de disbiosis que pueden evolucionar a caries en individuos de la primera infancia (Kahharova et al., 2023; Tang et al., 2024). En estudios *in vitro*, al simular biofilms asociados a condiciones cariogénicas, se observó un aumento significativo en el filo Firmicutes (96.47%), relacionado a un aumento en los géneros *Streptococcus* (84.83%), *Gemella* (5.88%) y *Staphylococcus* (5.06%) (Sánchez et al., 2022).

Metabólicamente, los biofilms cariogénicos que son producidos por la presencia de carbohidratos como la sacarosa, presentan una mayor expresión de aminoácidos relacionados con la capacidad de degradación de proteínas y mejor adaptación a condiciones ácidas, dentro de los cuales se encuentran la histidina, la metionina, el ácido glutámico y la fenilalanina (Sánchez et al., 2022).

Gingivitis

La gingivitis es una de las enfermedades inflamatorias más comunes a nivel mundial. Se caracteriza por la inflamación reversible de los tejidos gingivales sin pérdida del hueso alveolar. Su aparición se relaciona con la acumulación de placa dental en la hendidura subgingival de los dientes, manifestándose clínicamente a través de enrojecimiento de las encías, hinchazón, sensibilidad dental y sangrado gingival (Nowicki et al., 2018). La gingivitis puede estar asociada a cambios hormonales, deficiencias nutricionales, presencia de otras enfermedades y especialmente a malos hábitos de higiene bucal. Distintos estudios han revelado que, 24 a 72 horas después de suspender la higiene bucal, se observa un estado de salud subóptima en las encías, caracterizado por la disminución de especies del género *Rothia* y la activación de 11 citoquinas salivales, dentro de las cuales se encuentra la eotaxina y la interleucina 5 (IL-5) (Huang et al., 2021). Adicionalmente, se registra una disminución progresiva de betaína, metabolito que se correlaciona negativamente con el sangrado gingival, lo cual sugiere que la betaína podría tener un papel protector contra la inflamación gingival (Nowicki et al., 2018; Abusleme et al., 2021).

En el periodo de transición de encías saludables a procesos inflamatorios propios de la gingivitis se observa un aumento significativo en la abundancia de géneros bacterianos como *Oribacterium*, *Prevotella*, *Leptotrichia*, *Tannerella* y *Lachnoanaerobaculum*. Por otra parte, se puede presentar sobreexpresión de genes relacionados con procesos de proteólisis, adhesión bacteriana y destrucción tisular, lo que indica una mayor virulencia microbiana en las primeras etapas de la gingivitis (Nowicki et al., 2018;). En 2024, se realizó un análisis metagenómico del microbioma oral de 120 pacientes, divididos en dos grupos: gingivitis generalizada/inicial periodontitis (GG/IP) y gingivitis localizada/salud (H/LG). Se evidenció un aumento en la abundancia de los géneros *Actinomyces*, *Porphyromonas*, *Aggregatibacter*, *Corynebacterium*, *Olsenella* y *Treponema* en el grupo GG/IP, mientras que en el grupo H/LG predominaban géneros bacterianos asociados con condiciones saludables, como *Neisseria* y *Haemophilus* (Manzoor et al., 2024).

A nivel de expresión génica, Zhang et al. (2021) reportaron que los genes FAM86C1 y FYCO1 relacionados con la metilación de proteínas, el metabolismo proteico y la inflamación, se encontraban vinculados al desarrollo de gingivitis (Zhang et al., 2021).

Periodontitis

Al igual que la caries, la periodontitis es una de las enfermedades con mayor prevalencia a nivel mundial, afectando a aproximadamente 740 millones de personas (Jiang et al., 2021). La periodontitis se define como la inflamación crónica e irreversible del tejido gingival encargado del soporte de los dientes, lo que puede provocar la degradación de las encías, el ligamento periodontal, el hueso alveolar y, en última instancia, generar la pérdida de piezas dentales (Shi et al., 2018, Giordano-Kelhoffer et al., 2022). Su aparición está asociada con el avance no controlado de la gingivitis, vinculado a la acumulación de biofilms disbióticos, cuya composición cambia a medida que progresa la enfermedad (Jiang et al., 2021).

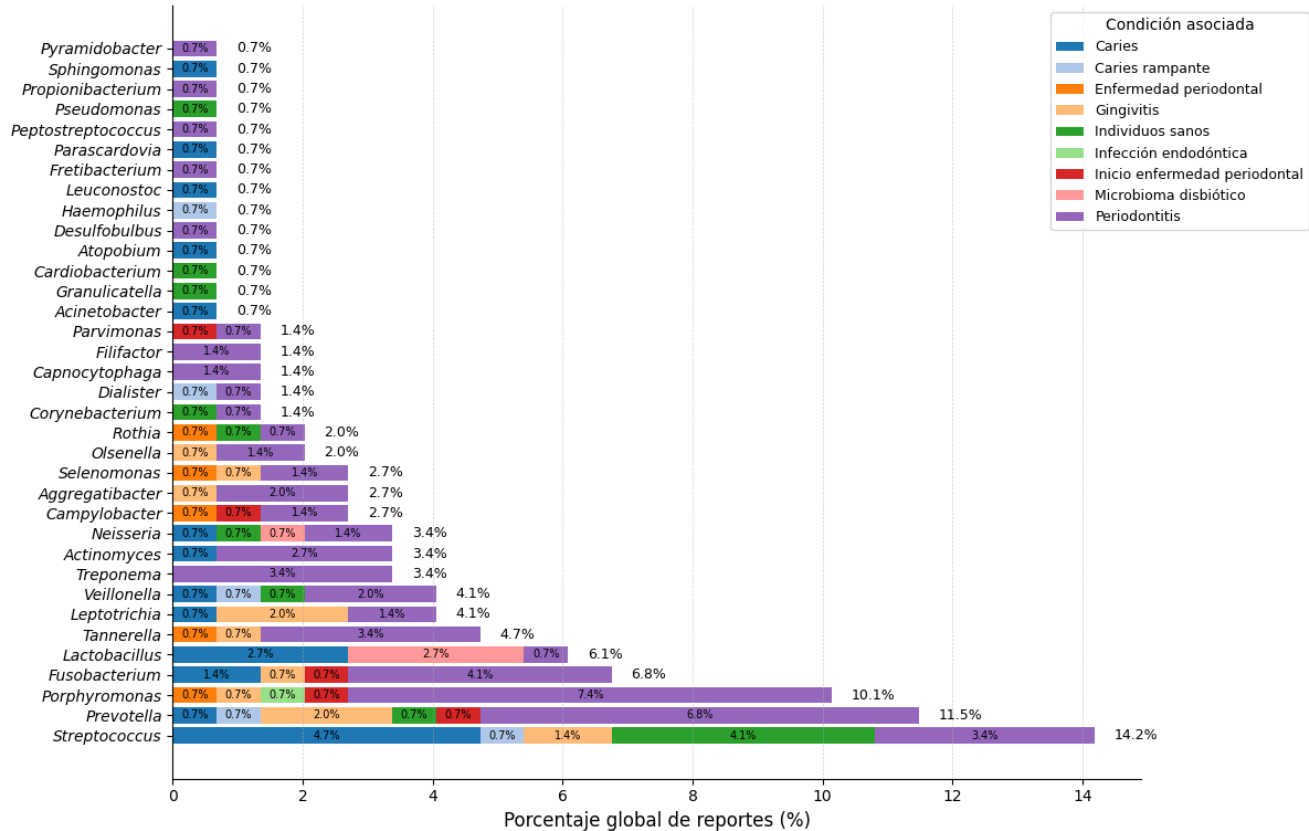
En las fases iniciales de la periodontitis, se observa un aumento en bacterias del "complejo naranja" como *Fusobacterium nucleatum*, *Prevotella intermedia*, *Campylobacter rectus* y *Parvimonas micra*, que facilitan la colonización del tejido por bacterias del "complejo rojo", asociadas a los estados más avanzados de la enfermedad, como *Porphyromonas gingivalis*, *Treponema denticola* y *Tannerella forsythia* (Carrouel et al., 2023). Clasificaciones dadas por los complejos bacterianos de Socransky, que constituyen un marco fundamental para comprender la microbiota subgingival y su relación con la salud periodontal y la enfermedad, al clasificar los microorganismos en 5 grupos principales organizados según su patogenicidad y asociación con la severidad del cuadro clínico (Fernandes et al., 2024).

La degradación del tejido periodontal genera surcos patológicos profundos, denominados bolsas periodontales alrededor de los dientes, las cuales se expanden en dirección apical (Bosshardt, 2017). A medida que las bolsas periodontales se profundizan, se crea un microambiente favorable para la proliferación de bacterias anaerobias, lo que agrava la inflamación y acelera la destrucción de los tejidos periodontales (Bosshardt, 2017; Giordano-Kelhoffer et al., 2022). En la bolsa periodontal de pacientes con periodontitis crónica se da una disminución en la diversidad taxonómica microbiana, debido a la dominancia de especies pertenecientes al complejo rojo, además de otros géneros como *Acholeplasma*, *Fretibacterium* y *Peptococcus*, cuya abundancia aumentaba conforme se incrementaba la profundidad de las bolsas periodontales (Deng et al., 2017; Shi et al., 2018). Estas bacterias características de la periodontitis pueden ser un factor de riesgo para el desarrollo de enfermedades sistémicas (Xiao et al., 2023).

Las especies de bacterias identificadas en los artículos presentan en la mayoría de los casos relación con patologías bucodentales específicas (Figura 3), dentro de las cuales destacan la caries, gingivitis, periodontitis y enfermedad periodontal no especificada, entre otros. Este análisis tiene como objetivo identificar un patrón inicial de bacterias cuya elevada concentración podría asociarse con el desarrollo de estas patologías.

Figura 3. Principales enfermedades orales y/o condiciones asociadas por género presentes en los artículos.

Distribución porcentual de enfermedades orales asociadas por género



Fuente: Elaboración propia.

Disbiosis y enfermedades sistémicas

La periodontitis, por ejemplo, está relacionada con la aparición y progresión de diversas enfermedades sistémicas, a causa tanto de la presencia de microorganismos patógenos como a la inflamación crónica que provoca (Lourenço et al., 2018; Lu et al., 2022). Estudios clínicos han señalado una alteración en la microbiota intestinal de pacientes con periodontitis, destacando una mayor abundancia de filos como Firmicutes, Proteobacteria, Euryarchaeota y Verrucomicrobia, en comparación con individuos sanos (Lu et al., 2022). No obstante, la mayoría de los estudios que exploran la relación entre la periodontitis y las enfermedades sistémicas no han establecido una clara relación de causalidad; no obstante, sugieren que estas conexiones son bidireccionales (Winning & Linden, 2017).

Por otro lado, la translocación orodigestiva de patobiontes orales, provocada por la periodontitis, puede desencadenar respuestas inflamatorias en áreas extraorales, contribuyendo a la disbiosis intestinal y a la inflamación sistémica asociada al intestino (Lu et al., 2022). Durante la infección bacteriana en la periodontitis, las bacterias orales pueden migrar a otras partes del cuerpo a través de varias vías. La vía hematológica, por ejemplo, permite que las bacterias ingresen al torrente sanguíneo mediante un proceso conocido como bacteriemia (Vitkov et al., 2023). Paralelamente, existe la vía de migración enteral, en la cual bacterias patógenas como *Fusobacterium nucleatum* y *Porphyromonas gingivalis* pueden ser ingeridas a través de la saliva, alcanzando el estómago y colonizando el intestino (Yamazaki & Kamada, 2023). Estas bacterias,

mediante la adhesión a células epiteliales y favorecidas por factores de virulencia como FadA y Fap2, alteran la composición de la microbiota intestinal, activando receptores como TLR4 y la vía NF- κ B, lo que promueve la producción de citocinas proinflamatorias y exacerba condiciones como la colitis y el cáncer colorrectal (Yamazaki & Kamada, 2023). Así mismo, *P. gingivalis* puede invadir los tejidos locales y diseminarse a través de células dendríticas mieloides, alterando su perfil migratorio y dirigiéndolas hacia sitios inflamatorios; lo que facilitaría la diseminación del patógeno (Miles et al., 2013).

Cáncer

La disbiosis del microbioma oral se ha vinculado directamente con el desarrollo y la progresión de múltiples tipos de cáncer, como el cáncer colorrectal, el cáncer pulmonar, el carcinoma de células escamosas de cabeza y cuello, y el carcinoma oral de células escamosas (COCE) (Uchino et al., 2021; Zhang et al., 2020). Dentro de los cánceres de cabeza y cuello, el COCE es uno de los más comunes en todo el mundo (cerca del 90%), constituyendo el sexto tumor maligno con mayor prevalencia reportada (263,000 nuevos casos al año a nivel global) (Saikia et al., 2023; Sukmana et al., 2024). Estudios recientes han asociado los cambios disbióticos de la microbiota oral a respuestas inflamatorias exacerbadas, alteraciones en la respuesta inmune y el desarrollo de condiciones microambientales favorables para el desarrollo tumoral (Sukmana et al., 2024; Ganly et al., 2022).

En tejido oral afectado por lesiones tumorales de COCE se observó una disminución significativa en la abundancia de bacterias del género *Streptococcus*, así como un incremento en *Fusobacterium nucleatum*, bacteria perteneciente al complejo naranja asociado a la periodontitis (Yamazaki & Kamada, 2023; Ganly et al., 2022; Su et al., 2020), la cual es capaz de evadir el sistema inmune del huésped mediante la interacción con el receptor inmunitario TIGIT, generando la supresión de la actividad citotóxica de las células T y NK. Adicionalmente, *F. nucleatum* interactúa con los receptores tipo Toll (TLR) en las células epiteliales orales, provocando la activación de múltiples señales proinflamatorias que promueven la progresión tumoral (Su et al., 2020; Ganly et al., 2022).

En pacientes, por ejemplo, con cáncer colorrectal se han identificado patrones microbianos orales en muestras fecales y salivales que incluyen un aumento de *Peptostreptococcus stomatis*, *Streptococcus anginosus*, *Solobacterium moorei* y *Streptococcus koreensis* (Uchino et al., 2021; Flemer et al., 2017), así como de los géneros *Prevotella*, *Porphyromonas* y *Veillonella*; mientras que, se observó una disminución marcada en géneros considerados protectores como *Streptococcus* (Zhang et al., 2020; Flemer et al., 2017).

En carcinomas de cabeza y cuello se ha demostrado que a nivel oral existe un aumento significativo en bacterias del género *Lactobacillus* y una disminución de bacterias del género *Neisseria*, lo que sugiere un desequilibrio que podría favorecer la inmunosupresión local (Frank et al., 2022).

Así mismo, el incremento de especies pertenecientes a los géneros *Streptococcus* y *Lactobacillus*, se ha vinculado con un mayor riesgo de aparición de cáncer pulmonar, particularmente para el caso del carcinoma de células escamosas y en pacientes clasificados como exfumadores. Por otra parte, una microbiota oral más diversa podría tener un efecto protector frente al riesgo de padecer cáncer pulmonar (Vogtmann et al., 2022; Gao et al., 2023).

Artritis reumatoide

La artritis reumatoide es una enfermedad de carácter autoinmune que se caracteriza por la presencia de inflamación articular (Chu et al., 2020). En pacientes con esta enfermedad se presenta un desequilibrio de la microbiota subgingival, donde se produce un aumento de especies patógenas como *Prevotella* y *Parvimonas micra*, lo cual empeora la inflamación local previamente presente en los tejidos periodontales, favoreciendo su destrucción (Corrêa et al., 2019). Adicionalmente, se presenta un aumento de la inflamación en doble vía, de modo que la inflamación sistémica propia de la artritis amplificara los procesos de activación de las citocinas proinflamatorias TNF- α , IL-6 e IL-17 afectando los tejidos periodontales y viceversa (Corrêa et al., 2019).

Diabetes

La diabetes mellitus tipo 2 (DM2) afecta el metabolismo de la glucosa, donde las células beta pancreáticas presentan una disfunción, lo que provoca resistencia a la insulina y una hiperglucemia crónica (Favale et al., 2023). Los pacientes con diabetes tipo 2 presentan un aumento de la presencia a nivel oral de especies como *Campylobacter rectus*, *Porphyromonas gingivalis*, *Prevotella intermedia*, *Streptococcus*, *Rothia* y *Actinomyces* (Favale et al., 2023; Guo et al., 2023). Estos cambios disbióticos promueven la aparición de inflamación crónica que, a su vez, puede agravar la resistencia a la insulina, empeorando la condición diabética (Favale et al., 2023; Guo et al., 2023). En el caso de la diabetes tipo 1 se ha documentado una alta prevalencia de *Streptococcus mutans* y *Veillonella spp.*, asociadas con caries y peor control glucémico (Carelli et al., 2023). De igual manera, la disbiosis asociada a periodontitis puede relacionarse con factores sistémicos que aumenten la incidencia de DM2 y la resistencia a la insulina. Se han considerado tres mecanismos principales de relación: (1) diseminación de bacterias periodontales y productos bacterianos desde los tejidos periodontales al torrente sanguíneo; (2) inducción/magnificación de la inflamación sistémica a través del derrame de citocinas inflamatorias y la respuesta del huésped a la diseminación de bacterias/productos bacterianos; y (3) anomalías en la microbiota intestinal y aumento de la permeabilidad intestinal inducida por bacterias periodontales ingeridas (Favale et al., 2023).

Alzheimer

En la última década, se ha establecido una conexión funcional entre la periodontitis y la enfermedad de Alzheimer (EA) (Lu et al., 2022), enfermedades que se presentan con mayor frecuencia en poblaciones de la tercera edad (Rubinstein et al., 2024). Se sugiere que los mecanismos principales que explican esta asociación son: los efectos directos o indirectos de las bacterias circulantes, la invasión directa de patógenos periodontales en el cerebro, los mediadores inflamatorios, el aumento de marcadores inflamatorios sistémicos y/o los complejos inmunes de los tejidos periodontales infectados o inflamados en otras partes del cuerpo (Lourenço et al., 2018; Choi et al., 2019).

Entre los mecanismos propuestos para explicar la llegada de microorganismos periodontales al sistema nervioso central (SNC) se han identificado varias vías de translocación. Una de ellas es la vía hematológica, mediante la cual las bacterias ingresan al torrente sanguíneo a través de la mucosa oral previamente alterada por afecciones como la periodontitis, favoreciendo así su diseminación sistémica (Tao et al., 2024). Otra posible ruta es la migración hacia el sistema digestivo, donde los patógenos orales alteran el equilibrio de la microbiota intestinal, e incrementan la permeabilidad del intestino, facilitando el paso de metabolitos bacterianos y moléculas proinflamatorias,

que son detectadas por el nervio vago y el sistema nervioso entérico, modulando la respuesta neuroinflamatoria (Bello-Corral et al., 2023). Adicionalmente, estas bacterias pueden desplazarse a través de los nervios craneales, como el nervio olfatorio o el nervio trigémino, mediante el transporte intracelular de bacterias o de sus productos hacia el ganglio trigeminal y estructuras encefálicas. Todos estos mecanismos contribuyen al debilitamiento de la barrera hematoencefálica (BHE), lo que favorece la activación y mantenimiento de la respuesta inflamatoria en el SNC (Bello-Corral et al., 2023).

La inflamación periférica puede desempeñar un papel crucial en la progresión de la EA, mientras que el estrés oxidativo influye en la agregación y eliminación de proteínas cerebrales, afectando así la acumulación de amiloide y tau (McManus & Heneka, 2017; Na et al., 2023). Numerosos estudios han establecido una asociación entre la mala salud bucal y el riesgo de desarrollar enfermedades neurodegenerativas, al igual que entre la pérdida de dientes y el edentulismo con deterioro cognitivo y demencia incidente (Rubinstein et al., 2024). Investigaciones adicionales han demostrado que la periodontitis se correlaciona con una mayor carga de amiloide cerebral y biomarcadores plasmáticos asociados a la EA, además de presentar disbiosis microbiana periodontal, (Rubinstein et al., 2024; Na et al., 2023).

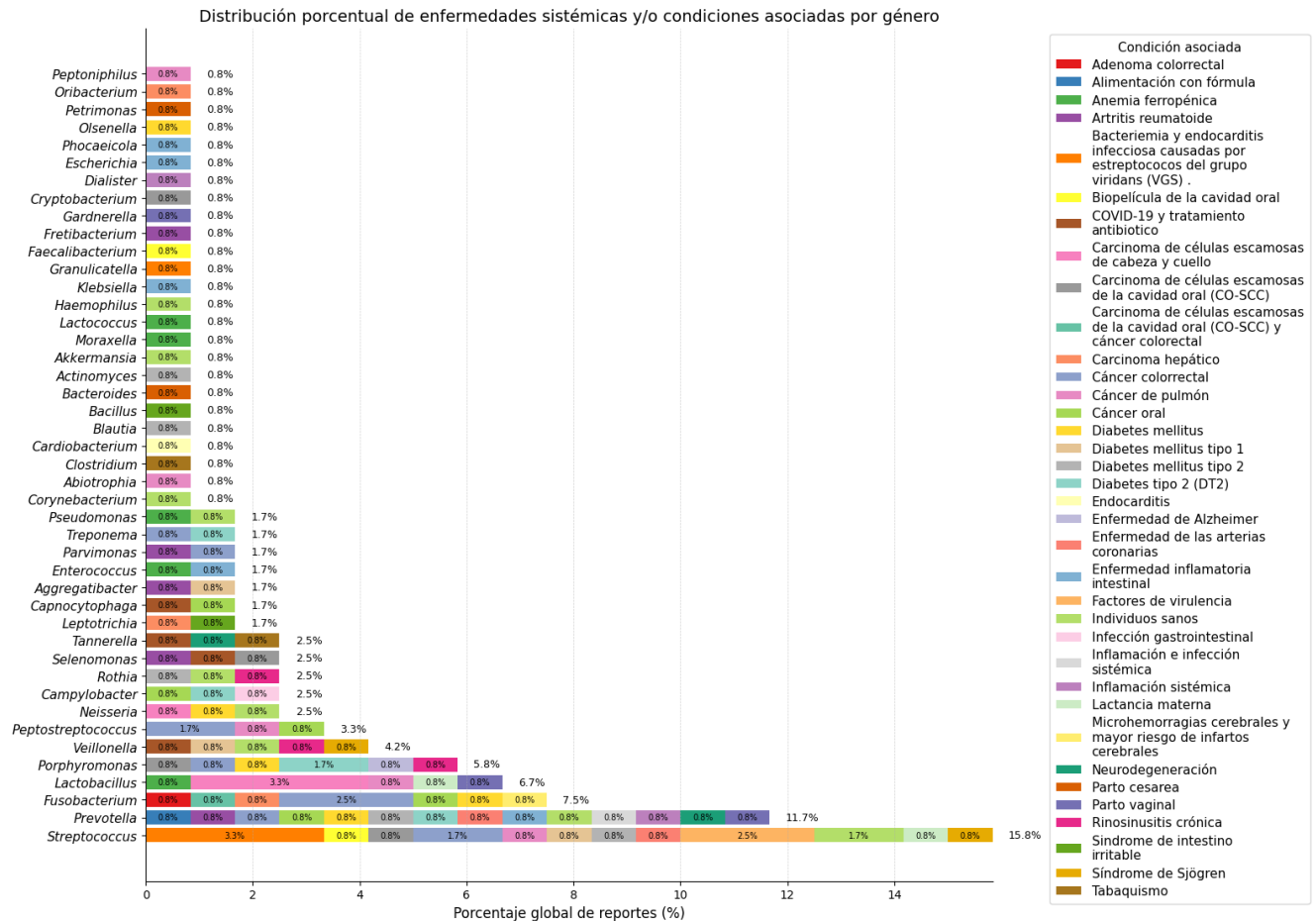
Trabajos recientes han evidenciado una correlación entre la patogénesis y la progresión de la EA con la disbiosis de la microbiota intestinal (alterada por la translocación orodigestiva de patógenos orales), así como con la inflamación sistémica y la neuroinflamación (Lu et al., 2022). De igual forma, otros estudios preclínicos en modelos animales han demostrado que la periodontitis experimental puede inducir inflamación cerebral y activar la microglía hacia un fenotipo proinflamatorio y fagocítico (Rubinstein et al., 2024).

Endocarditis infecciosa

La endocarditis infecciosa es una patología de carácter infeccioso e inflamatorio ocasionada por la colonización de tejidos cardíacos, como el endocardio y las válvulas del corazón, por parte de microorganismos que han ingresado al torrente sanguíneo (Del Giudice et al., 2021). Se ha asociado su aparición a la presencia de lesiones en superficies mucosas como la hendidura subgingival, el colon o la vagina, de manera que las bacterias endógenas de estos ecosistemas pueden migrar y ocasionar una bacteriemia. Por lo tanto, es posible la migración de microorganismos patógenos propios de procesos disbióticos en tejidos mucosos, como lo es el caso de bacterias características de la periodontitis como *P. gingivalis* (Del Giudice et al., 2021; Ismail et al., 2024). Se han asociado múltiples factores con el aumento del riesgo de infección por *Staphylococcus aureus*, *Staphylococcus epidermidis* y *Enterococcus faecalis*, dentro los cuales se encuentran la mala higiene bucal, el uso de drogas intravenosas, los antecedentes de accidentes cerebrovasculares, y la presencia de dispositivos cardíacos o válvulas protésicas (Ismail et al., 2024). Un estudio realizado por Dhotre et al. (2017) evaluó la relación entre periodontitis, el riesgo de endocarditis infecciosa y bacteriemia por estreptococos del grupo viridans (VGS). Encontraron que el 42,5% de los pacientes evaluados con endocarditis infecciosa tenían periodontitis. Adicionalmente, el 82% de las bacteriemias examinadas coincidían con VGS, lo que indica una coincidencia significativa entre las cepas de la cavidad oral y las de la sangre (Dhotre et al., 2017).

Las especies de bacterias identificadas en los artículos presentan en la mayoría de los casos relación con patologías sistémicas, dentro de las cuales destacan diferentes tipos de cáncer (colorrectal, oral y carcinomas), la diabetes mellitus, enfermedades inflamatorias, la endocarditis infecciosa y la anemia ferropénica, entre otros (Figura 4). Mediante este análisis se busca establecer un patrón inicial de bacterias que en concentraciones altas pueden relacionarse con el desarrollo de estas patologías.

Figura 4. Principales enfermedades sistémicas y/o condiciones asociadas por género presentes en los artículos.



Fuente: Elaboración propia.

Técnicas moleculares de estudio y diagnóstico

Tradicionalmente en microbiología, los procesos de detección, identificación y caracterización de microorganismos, específicamente de bacterias presentes en diversas muestras, se llevaban a cabo utilizando métodos fenotípicos basados en la observación de la forma, estructura, reproducción, tamaño, fisiología y metabolismo de los cultivos bacterianos (Cintrón et al., 2014). Sin embargo, estos métodos presentan desafíos y limitaciones en términos de precisión y rapidez para la identificación. Con el fin de superar estas limitaciones, surgen las técnicas moleculares de diagnóstico, basadas principalmente en la amplificación de ácidos nucleicos o proteínas que permiten obtener resultados de diagnóstico más rápidos y precisos (Cintrón et al., 2014). En

bacterias, la amplificación de ácidos nucleicos se basa en el uso del gen del ARN ribosómico 16S (ARNr 16S), el cual desempeña un papel crucial en las técnicas moleculares, dado que su secuenciación permite la identificación de especies o filotipos bacterianos presentes en una comunidad microbiana. El ARNr 16S presenta regiones conservadas, que permanecen sin modificaciones entre diferentes microorganismos, y regiones hipervariables, las cuales proporcionan perfiles representativos de diversas comunidades bacterianas a nivel de género (Dewhirst et al., 2010).

En el estudio de la microbiota oral, las técnicas basadas en ácidos nucleicos han permitido un análisis más detallado de las comunidades bacterianas asociadas a estados de salud y enfermedad (Siqueira & Rôças, 2022). Entre las técnicas más utilizadas para el diagnóstico se encuentran la reacción en cadena de la polimerasa (PCR), la secuenciación de nueva generación (NGS) y las ciencias ómicas (Cintrón et al., 2014).

Reacción en cadena de la polimerasa (PCR)

La PCR es uno de los avances más relevantes en el diagnóstico molecular dentro de la microbiología. Esta técnica ha simplificado y acelerado el proceso de amplificación de ácidos nucleicos in vitro (Cintrón et al., 2014). Existen diversas variantes de la PCR que se pueden adaptar a las necesidades específicas de cada estudio, tales como la PCR en tiempo real, la PCR múltiple y la PCR con transcriptasa inversa, entre otras, que permiten una cuantificación y tipificación microbiana precisa (Cintrón et al., 2014).

Esta técnica se ha utilizado ampliamente para la identificación, caracterización y el diagnóstico de microorganismos en comunidades bacterianas que forman parte de la microbiota oral. Korona-Glowniak et al. (2021) investigaron la diversidad microbiana en la microbiota del conducto radicular en infecciones endodónticas mediante el uso de PCR en tiempo real, utilizando el gen ARNr 16S como objetivo. De 45 pacientes estudiados, se recuperaron 1434 especies/genes de 41 géneros diferentes y 90 especies microbianas. Se observó que una muestra contenía entre 5 y 61 especies/genes (Korona-Glowniak et al., 2021). Así mismo, Sano et al. (2021) demostraron que el uso de variantes de la PCR, como la PCR de polimorfismos de longitud de fragmento de restricción (PCR-RFLP), es un método simple y económico para el análisis de la microbiota oral a partir del gen ARNr 16S.

Secuenciación de nueva generación (NGS)

La secuenciación de nueva generación (NGS) se utiliza principalmente para secuenciar genomas a alta velocidad y bajo costo. Esta técnica molecular genera grandes cantidades de datos al rastrear la adición de nucleótidos marcados mientras la cadena de ADN se copia de forma paralela. La secuenciación NGS puede utilizarse para el análisis del transcriptoma, como es el caso de la técnica RNA-seq que implica la transcripción de la cadena de ADN (5'–3') junto con la plantilla de ARN (3'–5') para analizar este proceso (Litwack, 2021).

En el campo de la microbiología, la secuenciación de nueva generación facilita la detección e identificación de microorganismos. Según Brzywczy-Sroka et al. (2023), estas técnicas permiten una determinación cualitativa y semicuantitativa de la diversidad microbiana. Un estudio realizado por Yuan et al. (2020), que buscaba identificar clínicamente la rinosinusitis crónica mediante secuenciación de nueva generación de la microbiota oral, encontró que NGS identificó múltiples especies

patógenas importantes que no fueron detectadas por métodos de cultivo. De igual manera, este estudio demostró que el uso de NGS puede ser un enfoque diagnóstico más eficiente debido a su capacidad de detectar simultáneamente patógenos aeróbicos y anaeróbicos.

Ciencias ómicas

Las ciencias ómicas representan un campo de estudio relativamente nuevo dentro de la biología molecular. Estas ciencias se enfocan en disciplinas como la genómica, transcriptómica, proteómica y metabolómica, que estudian el genoma, el transcriptoma, el proteoma y el metaboloma, respectivamente (Vailati-Riboni et al., 2017; Menon et al., 2017). Cada una de estas ciencias tiene un objeto de estudio específico. La genómica se ocupa del estudio de los genomas, analizando su estructura, función, evolución y mapeo, además de caracterizar y cuantificar los genes que los componen. La transcriptómica, por su parte, analiza el conjunto de moléculas de ARN mensajero (ARNm) presentes en una célula, tejido u organismo. La proteómica se centra en el estudio del proteoma, el conjunto de todas las proteínas de una célula, tejido u organismo, a nivel bioquímico, funcional y estructural. La metabolómica estudia el metaboloma, que representa el conjunto de todos los metabolitos de una célula, tejido, órgano u organismo biológico, que son los productos finales de los procesos celulares (Vailati-Riboni et al., 2017).

Simon-Soro & Mira (2014) afirman que el uso de técnicas ómicas, como la metagenómica, ha permitido descubrir un ecosistema altamente diverso en la microbiota oral, revelando que *Streptococcus mutans* representa solo el 0.1% de la comunidad bacteriana en la placa dental y entre el 0.7% y el 1.6% en lesiones de caries. Adicionalmente, los autores destacan que las ciencias ómicas permiten una comprensión holística del funcionamiento del biofilm dental, proporcionando claves para identificar moléculas críticas en los procesos de enfermedades orales polimicrobianas.

En un estudio longitudinal multiómico realizado por Huang et al. (2021), mediante el uso de metagenómica y metatranscriptómica, se analizaron perfiles personalizados de respuesta inmunológica microbiana, metabolitos y características del huésped, proporcionando una visión detallada de la transición desde la salud periodontal hasta la inflamación gingival y, finalmente, la gingivitis. Este estudio concluyó que la integración de perfiles metabolómicos permite una comprensión profunda de la etiología de la enfermedad periodontal.

Papel de la bioinformática en la microbiota oral

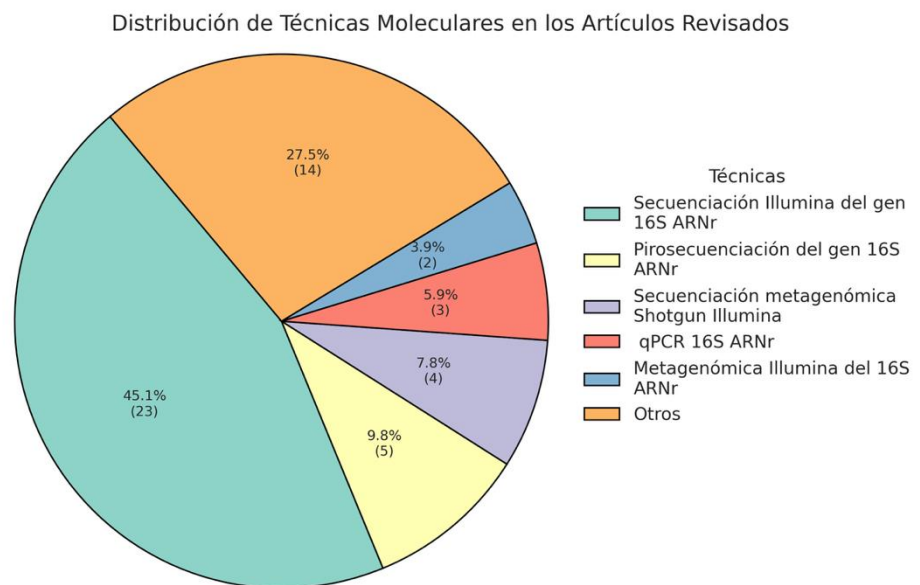
La bioinformática es una rama de la biología que ha cobrado gran relevancia en los últimos años gracias a sus aplicaciones en el análisis de datos y resultados relacionados con el estudio de la biota. Esta disciplina ha permitido el desarrollo de tecnologías y software que apoyan los estudios microbiológicos, en particular aquellos centrados en la microbiota oral. La bioinformática ha sido influenciada por técnicas moleculares actuales, como la PCR, NGS y las ciencias ómicas (Upadhyayula et al., 2019).

Dentro del campo de la microbiología, la bioinformática ha desarrollado enfoques que permiten a los investigadores realizar análisis de manera más eficiente, especialmente en aspectos como la diversidad, taxonomía molecular, análisis de comunidades, patogénesis y metabolismo secundario, considerando que, uno de los

principales focos de la bioinformática son los enfoques computacionales, aunque también se destaca la construcción e investigación de bases de datos genómicas y proteómicas integradas (Upadhyayula et al., 2019).

En cuanto a las técnicas moleculares empleadas en los estudios analizados (Figura 5), se identificó que la más utilizada fue la secuenciación Illumina del gen 16S ARNr, reportada en alrededor de 23 estudios. En segundo lugar, se encuentra la categoría denominada “Otros”, presente en 14 artículos, la cual agrupa técnicas diversas como metodologías acopladas, combinaciones con cultivo, PCR multiplex, análisis bioinformáticos, entre otras. La siguiente técnica utilizada con mayor frecuencia es la pirosecuenciación del gen 16S ARNr reportada en 5 artículos, seguida por la secuenciación metagenómica de tipo shotgun con Illumina aplicada en 4 artículos. Finalmente se encuentra la aplicación de la PCR cuantitativa en tiempo real (qPCR) al gen 16S ARNr en 3 artículos y el uso de ciencias ómicas (metagenómica) con tecnología Illumina en 2 artículos.

Figura 5. Distribución de las técnicas moleculares en los artículos, frecuencia de cada técnica reportada en los artículos.



Fuente: Elaboración propia.

Considerando los resultados de esta revisión sistemática, se resalta la necesidad de fortalecer la investigación sobre la microbiota oral desde un enfoque integrador que articule diversas disciplinas. La evidencia disponible demuestra una clara asociación entre la disbiosis oral y la progresión de patologías tanto locales como sistémicas, lo que subraya la importancia de caracterizar con mayor precisión las comunidades bacterianas presentes en la cavidad oral. Sin embargo, también se identificó una limitación significativa en la literatura científica, particularmente en el contexto colombiano, debido a la escasa cantidad de estudios publicados y a la frecuente omisión de la identificación taxonómica específica de las especies microbianas involucradas. Por tanto, se recomienda impulsar futuras investigaciones a nivel nacional que apliquen tecnologías moleculares e implementen las ciencias ómicas, con el propósito de ampliar el conocimiento sobre la diversidad microbiana oral y su

impacto en la salud. De igual manera, se recomienda que para una próxima revisión sistemática se incluya una mayor cantidad de estudios, a fin de consolidar una base de datos robusta y representativa que permita establecer correlaciones más sólidas entre la microbiota oral, el estado inmunológico del huésped y el desarrollo de enfermedades complejas.

CONCLUSIONES

El microbioma oral humano, conformado por alrededor de 1000 especies bacterianas, desempeña un papel significativo en la salud oral y sistémica. Su desequilibrio (disbiosis) es un factor determinante estrechamente asociado con múltiples enfermedades, no solo con patologías orales, sino también con enfermedades sistémicas de origen inflamatorio y neoplásico.

Las técnicas moleculares como la secuenciación de nueva generación (NGS), el uso de PCR, los métodos bioinformáticos y los enfoques ómicos, han permitido realizar una caracterización detallada de la microbiota oral, evidenciando su diversidad, dinámica y relación con las diversas afectaciones. Entre estas técnicas, la secuenciación Illumina del gen 16S ARNr fue la más empleada en los estudios analizados, complementada por pirosecuenciación y metagenómica shotgun.

A nivel taxonómico, las familias Streptococcaceae, Prevotellaceae, Porphyromonadaceae, Fusobacteriaceae y Lactobacillaceae fueron las más reportadas, con géneros como *Streptococcus spp.*, *Fusobacterium*, *Porphyromonas*, *Tannerella* y *Treponema* altamente relacionados a procesos patológicos. Por lo que se identifica la necesidad de profundizar en la caracterización funcional del microbioma oral y en su papel como biomarcador y potencial diana terapéutica.

La disbiosis de la microbiota oral no solo comprende un factor clave en la salud oral, sino que también representa un determinante relevante en la aparición y progresión de enfermedades sistémicas, lo que refuerza la importancia de integrar técnicas moleculares avanzadas en la investigación y la práctica clínica.

RECOMENDACIONES

Fomentar estudios longitudinales que analicen la transición de eubiosis a disbiosis. Integrar tecnologías de inteligencia artificial para interpretar datos masivos de microbiota. Promover investigaciones que combinen análisis moleculares con factores ambientales y genéticos del huésped.

AGRADECIMIENTOS

Agradecemos a los autores y equipos de investigación cuyos trabajos contribuyeron a este análisis, así como a las bases de datos que facilitaron el acceso a la información.

REFERENCIAS

- Abusleme, L., Hoare, A., Hong, B., & Diaz, P. I. (2021). Microbial signatures of health, gingivitis, and periodontitis. *Periodontology* 2000, 86(1), 57-78. <https://doi.org/10.1111/prd.12362>
- Anderson, A. C., Von Ohle, C., Frese, C., Boutin, S., Bridson, C., Schoilew, K., Peikert, S. A., Hellwig, E., Pelz, K., Wittmer, A., Wolff, D., & Al-Ahmad, A. (2023). The oral microbiota is a reservoir for antimicrobial resistance: resistome and phenotypic resistance characteristics of oral biofilm in health, caries, and periodontitis. *Annals Of Clinical Microbiology And Antimicrobials*, 22(1). <https://doi.org/10.1186/s12941-023-00585-z>
- Bello-Corral, L., Alves-Gomes, L., Fernández-Fernández, J. A., Fernández-García, D., Casado-Verdejo, I., & Sánchez-Valdeón, L. (2023). Implications of gut and oral microbiota in neuroinflammatory responses in Alzheimer's disease. *Life Sciences*, 333, 122132. <https://doi.org/10.1016/j.lfs.2023.122132>
- Bertolini, M., Ranjan, A., Thompson, A., Diaz, P. I., Sobue, T., Maas, K., & Dongari-Bagtzoglou, A. (2019). Candida albicans induces mucosal bacterial dysbiosis that promotes invasive infection. *PLoS Pathogens*, 15(4), e1007717. <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1007717>
- Bosshardt, D. D. (2017). The periodontal pocket: pathogenesis, histopathology and consequences. *Periodontology* 2000, 76(1), 43-50. <https://doi.org/10.1111/prd.12153>
- Brzychczy-Sroka, B., Talaga-Ćwiertnia, K., Sroka-Oleksiak, A., Gurgul, A., Zarzecka-Francica, E., Ostrowski, W., Kąkol, J., Zarzecka, J., & Brzychczy-Włoch, M. (2023). Oral microbiota study of the patients after hospitalisation for COVID-19, considering selected dental indices and antibiotic therapy using the next generation sequencing method (NGS). *Journal Of Oral Microbiology*, 15(1). <https://doi.org/10.1080/20002297.2023.2264591>
- Carelli, M., Maguolo, A., Zusi, C., Olivieri, F., Emiliani, F., De Grandi, G., Unali, I., Zerman, N., Signoretto, C., & Maffei, C. (2023). Oral Microbiota in Children and Adolescents with Type 1 Diabetes Mellitus: Novel Insights into the Pathogenesis of Dental and Periodontal Disease. *Microorganisms*, 11(3), 668. <https://doi.org/10.3390/microorganisms11030668>
- Carrouel, F., Kanoute, A., Lvovschi, V., & Bourgeois, D. (2023). Periodontal pathogens of the interdental microbiota in a 3 months pregnant population with an intact periodontium. *Frontiers In Microbiology*, 14. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1275180>
- Chen, W., Chang, S., Tang, C., Liou, M., Tsai, S. J., & Lin, Y. (2018). Composition Analysis and Feature Selection of the Oral Microbiota Associated with Periodontal Disease. *BioMed Research International*, 2018, 1-14. <https://doi.org/10.1155/2018/3130607>

Chen, X., Daliri, E. B., Chelliah, R., & Oh, D. (2020). Isolation and Identification of Potentially Pathogenic Microorganisms Associated with Dental Caries in Human Teeth Biofilms. *Microorganisms*, 8(10), 1596. <https://doi.org/10.3390/microorganisms8101596>

Choi, S., Kim, K., Chang, J., Kim, S. M., Kim, S. J., Cho, H., & Park, S. M. (2019). Association of Chronic Periodontitis on Alzheimer's Disease or Vascular Dementia. *Journal Of The American Geriatrics Society*, 67(6), 1234-1239. <https://doi.org/10.1111/jgs.15828>

Chu, X., Cao, N., Zhou, H., Meng, X., Guo, B., Zhang, H., & Li, B. (2020). The oral and gut microbiome in rheumatoid arthritis patients: a systematic review. *Lara D. Veeken*, 60(3), 1054-1066. <https://doi.org/10.1093/rheumatology/keaa835>

Cintrón, M., Hauser, J., Otto, C., Persing, D., & Tang, Y. (2014). Diagnostic Microbiology. En *Elsevier eBooks*, 1-17 <https://doi.org/10.1016/b978-0-12-801238-3.02392-8>

Corrêa, J. D., Fernandes, G. R., Calderaro, D. C., Mendonça, S. M. S., Silva, J. M., Albiero, M. L., Cunha, F. Q., Xiao, E., Ferreira, G. A., Teixeira, A. L., Mukherjee, C., Leys, E. J., Silva, T. A., & Graves, D. T. (2019). Oral microbial dysbiosis linked to worsened periodontal condition in rheumatoid arthritis patients. *Scientific Reports*, 9(1). <https://doi.org/10.1038/s41598-019-44674-6>

Del Campo-Moreno, R., Alarcón-Cavero, T., D'Auria, G., Delgado-Palacio, S., & Ferrer-Martínez, M. (2017). Microbiota en la salud humana: técnicas de caracterización y transferencia. *Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica*, 36(4), 241-245. <https://doi.org/10.1016/j.eimc.2017.02.007>

Del Giudice, C., Vaia, E., Liccardo, D., Marzano, F., Valletta, A., Spagnuolo, G., Ferrara, N., Rengo, C., Cannavo, A., & Rengo, G. (2021). Infective Endocarditis: A Focus on Oral Microbiota. *Microorganisms*, 9(6), 1218. <https://doi.org/10.3390/microorganisms9061218>

Deng, Z., Szafranski, S. P., Jarek, M., Bhujju, S., & Wagner-Döbler, I. (2017). Dysbiosis in chronic periodontitis: Key microbial players and interactions with the human host. *Scientific Reports*, 7(1). <https://doi.org/10.1038/s41598-017-03804-8>

Dewhirst, F. E., Chen, T., Izard, J., Paster, B. J., Tanner, A. C. R., Yu, W., Lakshmanan, A., & Wade, W. G. (2010). The human oral microbiome. *Journal Of Bacteriology*, 192(19), 5002-5017. <https://doi.org/10.1128/jb.00542-10>

Dhotre, S., Jahagirdar, V., Suryawanshi, N., Davane, M., Patil, R., & Nagoba, B. (2017). Assessment of periodontitis and its role in viridans streptococcal bacteremia and infective endocarditis. *Indian Heart Journal*, 70(2), 225-232. <https://doi.org/10.1016/j.ihj.2017.06.019>

Eren, A. M., Borisy, G. G., Huse, S. M., & Welch, J. L. M. (2014). Oligotyping analysis of the human oral microbiome. *Proceedings Of The National Academy Of Sciences*, 111(28). <https://doi.org/10.1073/pnas.1409644111>

Favale, N., Farina, R., Carrieri, A., Simonelli, A., Severi, M., Sabbioni, S., Trombelli, L., & Scapoli, C. (2023). Functional profile of oral plaque microbiome: Further insight into the bidirectional relationship between type 2 diabetes and periodontitis. *Molecular Oral Microbiology*, 39(2), 62-79. <https://doi.org/10.1111/omi.12418>

Fernandes, G. V. O., Mosley, G. A., Ross, W., Dagher, A., Martins, B. G. D. S., & Fernandes, J. C. H. (2024). Revisiting Socransky's Complexes: A Review Suggesting Updated New Bacterial Clusters (GF-MoR Complexes) for Periodontal and Peri-Implant Diseases and Conditions. *Microorganisms*, 12(11), 2214. <https://doi.org/10.3390/microorganisms12112214>

Flemer, B., Warren, R. D., Barrett, M. P., Cisek, K., Das, A., Jeffery, I. B., Hurley, E., O'Riordain, M., Shanahan, F., & O'Toole, P. W. (2017). The oral microbiota in colorectal cancer is distinctive and predictive. *Gut*, 67(8), 1454-1463. <https://doi.org/10.1136/gutjnl-2017-314814>

Frank, D. N., Qiu, Y., Cao, Y., Zhang, S., Lu, L., Kofonow, J. M., Robertson, C. E., Liu, Y., Wang, H., Levens, C. L., Kuhn, K. A., Song, J., Ramakrishnan, V. R., & Lu, S. (2022). A dysbiotic microbiome promotes head and neck squamous cell carcinoma. *Oncogene*, 41(9), 1269-1280. <https://doi.org/10.1038/s41388-021-02137-1>

Ganly, I., Hao, Y., Rosenthal, M., Wang, H., Migliacci, J., Huang, B., Katabi, N., Brown, S., Tang, Y., Pei, Z., & Yang, L. (2022). Oral Microbiome in Nonsmoker Patients with Oral Cavity Squamous Cell Carcinoma, Defined by Metagenomic Shotgun Sequencing. *Cancers*, 14(24), 6096. <https://doi.org/10.3390/cancers14246096>

Gao, L., Xu, T., Huang, G., Jiang, S., Gu, Y., & Chen, F. (2018). Oral microbiomes: more and more importance in oral cavity and whole body. *Protein & Cell*, 9(5), 488-500. <https://doi.org/10.1007/s13238-018-0548-1>

Gao, S., Zhang, Z., Sun, K., Li, M., & Qi, Y. (2023). Upper gastrointestinal tract microbiota with oral origin in relation to oesophageal squamous cell carcinoma. *Annals Of Medicine*, 55(2). <https://doi.org/10.1080/07853890.2023.2295401>

Gilbert, J. A., & Neufeld, J. D. (2014). Life in a World without Microbes. *PLoS Biology*, 12(12), e1002020. <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.1002020>

Giordano-Kelhoffer, B., Lorca, C., Llanes, J. M., Rábano, A., Del Ser, T., Serra, A., & Gallart-Palau, X. (2022). Oral Microbiota, Its Equilibrium and Implications in the Pathophysiology of Human Diseases: A Systematic Review. *Biomedicines*, 10(8), 1803. <https://doi.org/10.3390/biomedicines10081803>

Guo, X., Dai, S., Lou, J., Ma, X., Hu, X., Tu, L., Cui, J., Lu, H., Jiang, T., & Xu, J. (2023). Distribution characteristics of oral microbiota and its relationship with intestinal microbiota in patients with type 2 diabetes mellitus. *Frontiers In Endocrinology*, 14. <https://doi.org/10.3389/fendo.2023.1119201>

Huang, R., Li, M., & Gregory, R. L. (2011). Bacterial interactions in dental biofilm. *Virulence*, 2(5), 435-444. <https://doi.org/10.4161/viru.2.5.16140>

Huang, S., He, T., Yue, F., Xu, X., Wang, L., Zhu, P., Teng, F., Sun, Z., Liu, X., Jing, G., Su, X., Jin, L., Liu, J., & Xu, J. (2021). Longitudinal Multi-omics and Microbiome Meta-analysis Identify an Asymptomatic Gingival State That Links Gingivitis, Periodontitis, and Aging. *mBio*, 12(2). <https://doi.org/10.1128/mbio.03281-20>

Huang, S., Yang, F., Zeng, X., Chen, J., Li, R., Wen, T., Li, C., Wei, W., Liu, J., Chen, L., Davis, C., & Xu, J. (2011). Preliminary characterization of the oral microbiota of Chinese adults with and without gingivitis. *BMC Oral Health*, 11(1). <https://doi.org/10.1186/1472-6831-11-33>

Ismail, A., Yogarajah, A., Falconer, J. L., Dworakowski, R., Watson, S., Breeze, J., Gunning, M., Khan, H., Hussain, A., Howard, J. P., Cheong, P., Shah, M., Nibali, L., & Sousa, V. (2024). Insights into microorganisms, associated factors, and the oral microbiome in infective endocarditis patients. *Frontiers In Oral Health*, 5. <https://doi.org/10.3389/froh.2024.1270492>

Jiang, Y., Song, B., Brandt, B. W., Cheng, L., Zhou, X., Exterkate, R. A. M., Crielaard, W., & Deng, D. M. (2021). Comparison of Red-Complex Bacteria Between Saliva and Subgingival Plaque of Periodontitis Patients: A Systematic Review and Meta-Analysis. *Frontiers In Cellular And Infection Microbiology*, 11. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2021.727732>

Kahharova, D., Pappalardo, V., Buijs, M., De Menezes, R., Peters, M., Jackson, R., Hara, A., Eckert, G., Katz, B., Keels, M., Levy, S., Zaura, E., Brandt, B., & Fontana, M. (2023). Microbial Indicators of Dental Health, Dysbiosis, and Early Childhood Caries. *Journal Of Dental Research*, 102(7), 759-766. <https://doi.org/10.1177/00220345231160756>

Karygianni, L., Ren, Z., Koo, H., & Thurnheer, T. (2020). Biofilm Matrixome: Extracellular Components in Structured Microbial Communities. *Trends In Microbiology*, 28(8), 668-681. <https://doi.org/10.1016/j.tim.2020.03.016>

Khalid, M., Hassani, D., Bilal, M., Butt, Z. A., Hamayun, M., Ahmad, A., Huang, D., & Hussain, A. (2017). Identification of oral cavity biofilm forming bacteria and determination of their growth inhibition by *Acacia arabica*, *Tamarix aphylla* L. and *Melia azedarach* L. medicinal plants. *Archives Of Oral Biology*, 81, 175-185. <https://doi.org/10.1016/j.archoralbio.2017.05.011>

Kilian, M., Chapple, I. L. C., Hannig, M., Marsh, P. D., Meuric, V., Pedersen, A. M. L., Tonetti, M. S., Wade, W. G., & Zaura, E. (2016). The oral microbiome – an update for oral healthcare professionals. *BDJ*, 221(10), 657-666. <https://doi.org/10.1038/sj.bdj.2016.865>

Korona-Glowniak, I., Piatek, D., Fornal, E., Lukowiak, A., Gerasymchuk, Y., Kedziora, A., Bugla-Płoskonska, G., Grywalska, E., Bachanek, T., & Malm, A. (2021). Patterns of Oral Microbiota in Patients with Apical Periodontitis. *Journal Of Clinical Medicine*, 10(12), 2707. <https://doi.org/10.3390/jcm10122707>

Kumar, M., Singh, P., Murugesan, S., Vetzizou, M., McCulloch, J., Badger, J. H., Trinchieri, G., & Khodor, S. A. (2019). Microbiome as an Immunological Modifier. *Methods In Molecular Biology*, 595-638. https://doi.org/10.1007/978-1-4939-9773-2_27

Li, H., Wang, J., Wu, L., Luo, J., Liang, X., Xiao, B., & Zhu, Y. (2018). The impacts of delivery mode on infant's oral microflora. *Scientific Reports*, 8(1). <https://doi.org/10.1038/s41598-018-30397-7>

Litwack, G. (2021). Nucleic Acids and Molecular Genetics. En Elsevier eBooks (pp. 287-356). <https://doi.org/10.1016/b978-0-323-85718-5.00010-8>

Lourenço, T. G. B., Spencer, S. J., Alm, E. J., & Colombo, A. P. V. (2018). Defining the gut microbiota in individuals with periodontal diseases: an exploratory study. *Journal Of Oral Microbiology*, 10(1), 1487741. <https://doi.org/10.1080/20002297.2018.1487741>

Lu, H., Ren, Z., Li, A., Zhang, H., Jiang, J., Xu, S., Luo, Q., Zhou, K., Sun, X., Zheng, S., & Li, L. (2016). Deep sequencing reveals microbiota dysbiosis of tongue coat in patients with liver carcinoma. *Scientific Reports*, 6(1). <https://doi.org/10.1038/srep33142>

Lu, J., Zhang, S., Huang, Y., Qian, J., Tan, B., Qian, X., Zhuang, J., Zou, X., Li, Y., & Yan, F. (2022). Periodontitis-related salivary microbiota aggravates Alzheimer's disease via gut-brain axis crosstalk. *Gut Microbes*, 14(1). <https://doi.org/10.1080/19490976.2022.2126272>

Maier, T. (2023). Oral Microbiome in Health and Disease: Maintaining a Healthy, Balanced Ecosystem and Reversing Dysbiosis. *Microorganisms*, 11(6), 1453. <https://doi.org/10.3390/microorganisms11061453>

Manzoor, M., Leskelä, J., Pietiäinen, M., Martinez-Majander, N., Könönen, E., Niiranen, T., Lahti, L., Sinisalo, J., Putaala, J., Pussinen, P. J., & Paju, S. (2024). Shotgun metagenomic analysis of the oral microbiome in gingivitis: a nested case-control study. *Journal Of Oral Microbiology*, 16(1). <https://doi.org/10.1080/20002297.2024.2330867>

Marsh, P. D., & Zaura, E. (2017). Dental biofilm: ecological interactions in health and disease. *Journal Of Clinical Periodontology*, 44(S18). <https://doi.org/10.1111/jcpe.12679>

Mason, M. R., Preshaw, P. M., Nagaraja, H. N., Dabdoub, S. M., Rahman, A., & Kumar, P. S. (2014). The subgingival microbiome of clinically healthy current and never smokers. *The ISME Journal*, 9(1), 268-272. <https://doi.org/10.1038/ismej.2014.114>

Matsha, T., Prince, Y., Davids, S., Chikte, U., Erasmus, R., Kengne, A., & Davison, G. (2020). Oral Microbiome Signatures in Diabetes Mellitus and Periodontal Disease. *Journal Of Dental Research*, 99(6), 658-665. <https://doi.org/10.1177/0022034520913818>

McManus, R. M., & Heneka, M. T. (2017b). Role of neuroinflammation in neurodegeneration: new insights. *Alzheimer S Research & Therapy*, 9(1). <https://doi.org/10.1186/s13195-017-0241-2>

Menon, T., Gopalakrishnan, S. N., Balasubramanian, R., & Justin, S. R. (2017). Characterisation of the Human Oral Microbiome in Patients with Coronary Artery Disease Using Next-generation Sequencing of 16SrRNA Amplicons. *Indian Journal Of Medical Microbiology*, 35(1), 101-104. https://doi.org/10.4103/ijmm.ijmm_16_370

Miles, B., Zakhary, I., El-Awady, A., Scisci, E., Carrion, J., O'Neill, J. C., Rawlings, A., Stern, J. K., Susin, C., & Cutler, C. W. (2013). Secondary Lymphoid Organ Homing Phenotype of Human Myeloid Dendritic Cells Disrupted by an Intracellular Oral Pathogen. *Infection And Immunity*, 82(1), 101-111. <https://doi.org/10.1128/iai.01157-13>

Na, H. S., Jung, N., Song, Y., Kim, S. Y., Kim, H., Lee, J. Y., & Chung, J. (2023). A distinctive subgingival microbiome in patients with periodontitis and Alzheimer's disease compared with cognitively unimpaired periodontitis patients. *Journal Of Clinical Periodontology*, 51(1), 43-53. <https://doi.org/10.1111/jcpe.13880>

Nowicki, E. M., Shroff, R., Singleton, J. A., Renaud, D. E., Wallace, D., Drury, J., Zirnheld, J., Colleti, B., Ellington, A. D., Lamont, R. J., Scott, D. A., & Whiteley, M. (2018). Microbiota and Metatranscriptome Changes Accompanying the Onset of Gingivitis. *mBio*, 9(2). <https://doi.org/10.1128/mbio.00575-18>

Oba, P. M., Holscher, H. D., Mathai, R. A., Kim, J., & Swanson, K. S. (2020). Diet Influences the Oral Microbiota of Infants during the First Six Months of Life. *Nutrients*, 12(11), 3400. <https://doi.org/10.3390/nu12113400>

Olate, P., Martínez, A., Sans-Serramitjana, E., Cortés, M., Díaz, R., Hernández, G., Paz, E. A., Sepúlveda, N., & Quiñones, J. (2025). The Infant Oral Microbiome: Developmental Dynamics, Modulating Factors, and Implications for Oral and Systemic Health. *International Journal Of Molecular Sciences*, 26(16), 7983. <https://doi.org/10.3390/ijms26167983>

Peng, X., Cheng, L., You, Y., Tang, C., Ren, B., Li, Y., Xu, X., & Zhou, X. (2022). Oral microbiota in human systematic diseases. *International Journal Of Oral Science*, 14(1). <https://doi.org/10.1038/s41368-022-00163-7>

Pérez-Salcedo, L., & Martínez, A. B. (2010). Tumores benignos de la mucosa oral. Avances En *Odontoestomatología*, 26(1). <https://doi.org/10.4321/s0213-12852010000100002>

Rubinstein, T., Brickman, A. M., Cheng, B., Burkett, S., Park, H., Annavajhala, M. K., Uhlemann, A., Andrews, H., Gutierrez, J., Paster, B. J., Noble, J. M., & Papapanou, P. N. (2024). Periodontitis and brain magnetic resonance imaging markers of Alzheimer's disease and cognitive aging. *Alzheimer S & Dementia*, 20(3), 2191-2208. <https://doi.org/10.1002/alz.13683>

Saikia, P. J., Pathak, L., Mitra, S., & Das, B. (2023). The emerging role of oral microbiota in oral cancer initiation, progression and stemness. *Frontiers In Immunology*, 14. <https://doi.org/10.3389/fimmu.2023.1198269>

Sánchez, M. C., Velapatiño, A., Llama-Palacios, A., Valdés, A., Cifuentes, A., Ciudad, M. J., & Collado, L. (2022). Metataxonomic and metabolomic evidence of biofilm homeostasis disruption related to caries: An in vitro study. *Molecular Oral Microbiology*, 37(2), 81-96. <https://doi.org/10.1111/omi.12363>

Sano, H., Wakui, A., Kawachi, M., Washio, J., Abiko, Y., Mayanagi, G., Yamaki, K., Tanaka, K., Takahashi, N., & Sato, T. (2021). Profiling system of oral microbiota utilizing polymerase chain reaction-restriction fragment length polymorphism analysis. *Journal Of Oral Biosciences*, 63(3), 292-297. <https://doi.org/10.1016/j.job.2021.05.003>

Santacroce, L., Passarelli, P. C., Azzolino, D., Bottalico, L., Charitos, I. A., Cazzolla, A. P., Colella, M., Topi, S., Godoy, F. G., & D'Addona, A. (2023). Oral microbiota in human health and disease: A perspective. *Experimental Biology And Medicine*, 248(15), 1288-1301. <https://doi.org/10.1177/15353702231187645>

Shi, M., Wei, Y., Hu, W., Nie, Y., Wu, X., & Lu, R. (2018). The Subgingival Microbiome of Periodontal Pockets With Different Probing Depths in Chronic and Aggressive Periodontitis: A Pilot Study. *Frontiers In Cellular And Infection Microbiology*, 8. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2018.00124>

Simón-Soro, A., & Mira, A. (2014). Solving the etiology of dental caries. *Trends In Microbiology*, 23(2), 76-82. <https://doi.org/10.1016/j.tim.2014.10.010>

Siqueira, J. F., & Rôças, I. N. (2022). The Oral Microbiota in Health and Disease: An Overview of Molecular Findings. *Methods In Molecular Biology*, 61-73. https://doi.org/10.1007/978-1-0716-2780-8_5

Su, S., Chang, L., Huang, H., Peng, C., Chuang, C., Chen, Y., Lu, M., Chiu, Y., Chen, P., & Yang, S. (2020). Oral microbial dysbiosis and its performance in predicting oral cancer. *Carcinogenesis*, 42(1), 127-135. <https://doi.org/10.1093/carcin/bgaa062>

Su, S., Qi, T., Wang, W., Salama, E., & Li, Y. (2023). Investigation of the oral microbiome of children associated with dental caries: A systematic study. *Archives Of Oral Biology*, 154, 105776. <https://doi.org/10.1016/j.archoralbio.2023.105776>

Sukmana, B. I., Saleh, R. O., Najim, M. A., Al-Ghamdi, H. S., Achmad, H., Al-Hamdani, M. M., Taher, A. A., Alsalamy, A., Khaledi, M., & Javadi, K. (2024). Oral microbiota and oral squamous cell carcinoma: a review of their relation and carcinogenic mechanisms. *Frontiers In Oncology*, 14. <https://doi.org/10.3389/fonc.2024.1319777>

Takahashi, N. (2015). Oral microbiome metabolism. *Journal Of Dental Research*, 94(12), 1628-1637. <https://doi.org/10.1177/0022034515606045>

Tanaka, Y., Yamashita, R., Kawashima, J., Mori, H., Kurokawa, K., Fukuda, S., Gotoh, Y., Nakamura, K., Hayashi, T., Kasahara, Y., Sato, Y., & Fukudo, S. (2022). Omics profiles of fecal and oral microbiota change in irritable bowel syndrome patients with diarrhea and symptom exacerbation. *Journal Of Gastroenterology*, 57(10), 748-760. <https://doi.org/10.1007/s00535-022-01888-2>

Tang, Y., Nie, H., Zhang, Y., Wei, Y., Huang, Y., Zhuang, Y., Yang, W., & Zhu, Y. (2024). Effects of Sjogren's syndrome and high sugar diet on oral microbiome in patients with rampant caries: a clinical study. *BMC Oral Health*, 24(1). <https://doi.org/10.1186/s12903-024-04150-8>

Tao, K., Yuan, Y., Xie, Q., & Dong, Z. (2024). Relationship between human oral microbiome dysbiosis and neuropsychiatric diseases: An updated overview. *Behavioural Brain Research*, 471, 115111. <https://doi.org/10.1016/j.bbr.2024.115111>

Tuganbaev, T., Yoshida, K., & Honda, K. (2022). The effects of oral microbiota on health. *Science*, 376(6596), 934-936. <https://doi.org/10.1126/science.abn1890>

Tuominen, H., & Rautava, J. (2020). Oral Microbiota and Cancer Development. *Pathobiology*, 88(2), 116-126. <https://doi.org/10.1159/000510979>

Uchino, Y., Goto, Y., Konishi, Y., Tanabe, K., Toda, H., Wada, M., Kita, Y., Beppu, M., Mori, S., Hijioka, H., Otsuka, T., Natsugoe, S., Hara, E., & Sugiura, T. (2021). Colorectal Cancer Patients Have Four Specific Bacterial Species in Oral and Gut Microbiota in Common—A Metagenomic Comparison with Healthy Subjects. *Cancers*, 13(13), 3332. <https://doi.org/10.3390/cancers13133332>

Upadhyayula, R. S., Solanki, P. S., Suravajhala, P., & Medicherla, K. M. (2019). *Bioinformatics Tools for Microbial Diversity Analysis*. En Springer eBooks (pp. 23-47). https://doi.org/10.1007/978-981-13-8315-1_2

Vailati-Riboni, M., Palombo, V., & Loor, J. J. (2017). *What are Omics Sciences?* En Springer eBooks (pp. 1-7). https://doi.org/10.1007/978-3-319-43033-1_1

Vitkov, L., Singh, J., Schauer, C., Minnich, B., Krnić, J., Oberthaler, H., Gamsjaeger, S., Herrmann, M., Knopf, J., & Hannig, M. (2023). Breaking the Gingival Barrier in Periodontitis. *International Journal Of Molecular Sciences*, 24(5), 4544. <https://doi.org/10.3390/ijms24054544>

Vogtmann, E., Hua, X., Yu, G., Purandare, V., Hullings, A. G., Shao, D., Wan, Y., Li, S., Dagnall, C. L., Jones, K., Hicks, B. D., Hutchinson, A., Caporaso, J. G., Wheeler, W., Sandler, D. P., Beane Freeman, L. E., Liao, L. M., Huang, W.-Y., Freedman, N. D., Caporaso, N. E., Sinha, R., Gail, M. H., Shi, J., & Abnet, C. C. (2022). The oral microbiome and lung cancer risk: An analysis of 3 prospective cohort studies. *JNCI: Journal of the National Cancer Institute*, 114(11), 1501–1510. <https://doi.org/10.1093/jnci/djac149>

Wang, B., Yao, M., Lv, L., Ling, Z., & Li, L. (2017). The Human Microbiota in *Health and Disease. Engineering*, 3(1), 71-82. <https://doi.org/10.1016/j.eng.2017.01.008>

Welch, J. L. M., Ramírez-Puebla, S. T., & Borisy, G. G. (2020). Oral Microbiome Geography: Micron-Scale Habitat and Niche. *Cell Host & Microbe*, 28(2), 160-168. <https://doi.org/10.1016/j.chom.2020.07.009>

Winning, L., & Linden, G. J. (2017). Periodontitis and Systemic Disease: Association or Causality? *Current Oral Health Reports*, 4(1), 1-7. <https://doi.org/10.1007/s40496-017-0121-7>

Wolff, D., Frese, C., Schoilew, K., Dalpke, A., Wolff, B., & Boutin, S. (2019). Amplicon-based microbiome study highlights the loss of diversity and the establishment of a set of species in patients with dentin caries. *PLoS ONE*, 14(7), e0219714. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0219714>

World Health Organization. (2022) Informe sobre la situación mundial de la salud bucodental: Hacia la cobertura sanitaria universal para la salud bucodental de aquí a 2030. Resumen Ejecutivo.

Xi, R., Wang, R., Wang, Y., Xiang, Z., Su, Z., Cao, Z., Xu, X., Zheng, X., & Li, J. (2019). Comparative analysis of the oral microbiota between iron-deficiency anaemia (IDA) patients and healthy individuals by high-throughput sequencing. *BMC Oral Health*, 19(1). <https://doi.org/10.1186/s12903-019-0947-6>

Xiao, X., Liu, S., Deng, H., Song, Y., Zhang, L., & Song, Z. (2023). Advances in the oral microbiota and rapid detection of oral infectious diseases. *Frontiers In Microbiology*, 14. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1121737>

Yadav, S., Tripathi, V., & Saran, V. (2023). Identification of habit specific bacteria in human saliva through Next-Generation Sequencing. *Forensic Science International*, 353, 111871. <https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2023.111871>

Yamazaki, K., & Kamada, N. (2023). Exploring the oral-gut linkage: Interrelationship between oral and systemic diseases. *Mucosal Immunology*, 17(1), 147-153. <https://doi.org/10.1016/j.mucimm.2023.11.006>

Yost, S., Duran-Pinedo, A. E., Teles, R., Krishnan, K., & Frias-Lopez, J. (2015). Functional signatures of oral dysbiosis during periodontitis progression revealed by microbial metatranscriptome analysis. *Genome Medicine*, 7(1). <https://doi.org/10.1186/s13073-015-0153-3>

Yuan, B., Yeh, Y., Lin, C., Huang, C., Liu, H., & Chiang, C. (2020). Clinical Detection of Chronic Rhinosinusitis through Next-Generation Sequencing of the Oral Microbiota. *Microorganisms*, 8(6), 959. <https://doi.org/10.3390/microorganisms8060959>

Zhang, J., Sun, M., Zhao, Y., Geng, G., & Hu, Y. (2021b). Identification of Gingivitis-Related Genes Across Human Tissues Based on the Summary Mendelian Randomization. *Frontiers In Cell And Developmental Biology*, 8. <https://doi.org/10.3389/fcell.2020.624766>

Zhang, S., Kong, C., Yang, Y., Cai, S., Li, X., Cai, G., & Ma, Y. (2020). Human oral microbiome dysbiosis as a novel non-invasive biomarker in detection of colorectal cancer. *Theranostics*, 10(25), 11595-11606. <https://doi.org/10.7150/thno.49515>

Anexo 1. Búsqueda empleada la cual involucra palabras clave asociadas a la microbiota bucal, su disbiosis, su impacto en la salud humana, y su estudio mediante técnicas moleculares. Se emplea el uso de los operadores booleanos AND y OR, así mismo se emplea el uso de múltiples sinónimos con el fin de obtener la mayor cantidad de información posible.

(oral microbiota[Title] AND (human[Title] OR health[Title] OR diet[Title] OR dysbiosis[Title] OR systemic diseases[Title] OR systemic disease[Title] OR disease[Title] OR infectious diseases[Title] OR gingivitis[Title] OR periodontitis[Title] OR dental caries[Title] OR periodontal disease[Title] OR oral cancer[Title] OR oral squamous cell carcinoma [Title] OR cancer[Title] OR Alzheimer[Title] OR endocarditis[Title] OR rheumatoid arthritis[Title] OR diabetes[Title] OR anaemia[Title] OR irritable bowel syndrome[Title] OR biofilm[Title] OR microorganisms[Title] OR bacteria[Title] OR metabolism[Title] OR habitat[Title] OR Profiling[Title] OR metagenomics[Title] OR metagenomic[Title] OR sequencing[Title] OR next generation sequencing[Title] OR molecular[Title])) OR (oral microbiome[Title] AND (human[Title] OR health[Title] OR oral healthcare[Title] OR diet[Title] OR dysbiosis[Title] OR systemic disease[Title] OR systemic diseases[Title] OR gingivitis[Title] OR periodontitis[Title] OR dental caries[Title] OR oral cancer[Title] OR cancer[Title] OR Alzheimer[Title] OR endocarditis[Title] OR rheumatoid arthritis[Title] OR diabetes[Title] OR anaemia[Title] OR irritable bowel syndrome[Title] OR biofilm[Title] OR microorganisms[Title] OR metabolism[Title] OR habitat[Title] OR metagenomics[Title] OR metagenomic[Title] OR sequencing[Title] OR next generation sequencing[Title] OR molecular[Title] OR bacteria [Title] OR Profiling[Title])) OR (periodontitis[Title] AND (microbiome[Title] OR dysbiosis[Title] OR oral dysbiosis OR systemic disease[Title] OR disease[Title] OR bacteria [Title] OR pathogenesis [Title] OR gingival barrier [Title] OR Microbial [Title] OR oral cancer[Title] OR cancer[Title] OR Alzheimer[Title] OR endocarditis[Title] OR rheumatoid arthritis[Title] OR diabetes[Title] OR anaemia[Title] OR irritable bowel syndrome[Title] OR microorganisms[Title])) OR (gingivitis [Title] AND (microbiome[Title] OR Metatranscriptome [Title] OR genes[Title] OR dysbiosis[Title] OR systemic disease[Title] OR disease[Title] OR bacteria [Title] OR oral cancer[Title] OR cancer[Title] OR Alzheimer[Title] OR endocarditis[Title] OR rheumatoid arthritis[Title] OR diabetes[Title] OR anaemia[Title] OR irritable bowel syndrome[Title] OR microorganisms[Title])) OR (oral microbial dysbiosis[Title]) OR ((dental biofilm[Title] OR biofilm[Title]) AND (caries[Title] OR oral disease[Title])) OR (oral cavity biofilm[Title] AND bacteria) OR (pathogenic microorganisms[Title] AND dental caries [Title]) OR (caries [Title] AND (microbiome [Title] OR dysbiosis [Title] OR polymicrobial [Title])) OR (subgingival microbiome [Title] OR subgingival microbiota[Title] OR interdental microbiota [Title]) OR ((bacteria[Title] OR oral pathogen [Title] OR oral bacteria[Title]) AND (saliva[Title] OR Disrupted [Title] OR oral sites[Title])) OR (oral microflora[Title]) OR (bacterial[Title] AND (microbiome[Title] OR microbiota[Title] OR ecosystem[Title]) AND (mouth OR gut)) OR (microbiota [Title] AND dysbiosis [Title] AND (mouth [Title] OR tongue [Title])) OR ((mucosal [Title] OR mouth) AND (bacterial dysbiosis [Title])) OR (periodontal [Title] AND ((pocket[Title] AND pathogenesis [Title]) OR (gut microbiota[Title]))) OR ((oral and gut microbiome[Title] OR dysbiotic microbiome [Title] OR microbiota[Title]) AND (squamous cell carcinoma [Title] OR rheumatoid arthritis [Title])) OR (oral-gut [title] AND systemic diseases [title])

Fecha	Autores	Titulo	Tipo	Doi	Filo	Clase
2017	Deng ZL, Szafranski SP, Jarek M, Bhuju S, Wagner-Döbler I	Dysbiosis in chronic periodontitis: Key microbial players and interactions with the human host	Investigación	https://doi.org/10.1038/s41598-017-03804-8	Bacteroidota	Bacteroidetes
					Spirochaetota	Spirochaetia
					Bacteroidota	Bacteroidia
					Bacteroidota	Bacteroidia
					Synergistota	Synergistia
2017	Khalid, M., Hassani, D., Bilal, M., Butt, Z. A., Hamayun, M., Ahmad, A., Huang, D., & Hussain, A.	Identification of oral cavity biofilm forming bacteria and determination of their growth inhibition by <i>Acacia arabica</i> , <i>Tamarix aphylla</i> L. and <i>Melia azedarach</i> L. medicinal plants.	Investigación	https://doi.org/10.1016/j.archoralbio.2017.05.011	Pseudomonadota	Gammaproteobacteria
					Pseudomonadota	Betaproteobacteria
					Bacillota	Bacilli
					Bacillota	Bacilli
					Actinomycetota	Actinomycetes
2023	Anderson, A. C., Von Ohle, C., Frese, C., Boutin, S., Bridson, C., Schoilew, K., Peikert, S. A., Hellwig, E., Pelz, K., Wittmer, A., Wolff, D., & Al-Ahmad, A.	The oral microbiota is a reservoir for antimicrobial resistance: resistome and phenotypic resistance characteristics of oral biofilm in health, Caries, and periodontitis.	Investigación	https://doi.org/10.1186/s12941-023-00585-z	Bacillota	Bacilli
					Bacteroidota	Bacteroidetes
					Spirochaetota	Spirochaetia
					Bacteroidota	Bacteroidia
					Thermodesulfobacteriota	Desulfobulbia
2018	Chen, W., Chang, S., Tang, C., Liou, M., Tsai, S. J., & Lin, Y.	Composition Analysis and Feature Selection of the Oral Microbiota Associated with Periodontal Disease.	Investigación	https://doi.org/10.1155/2018/3130607	Bacteroidota	Bacteroidetes
					Spirochaetota	Spirochaetia
					Bacteroidota	Bacteroidia
					Bacillota	Clostridia
					Pseudomonadota	Gammaproteobacteria

2023	Su, S., Qi, T., Wang, W., Salama, E., & Li, Y.	Investigation of the oral microbiome of children associated with dental Caries: A systematic study.	Investigación	https://doi.org/10.1016/j.archoralbio.2023.105776	Fusobacteriota	Fusobacteriia
					Proteobacteria	No reportado
					Cyanobacteria	No reportado
2011	Huang, S., Yang, F., Zeng, X., Chen, J., Li, R., Wen, T., Li, C., Wei, W., Liu, J., Chen, L., Davis, C., & Xu, J.	Preliminary characterization of the oral microbiota of Chinese adults with and without gingivitis.	Investigación	https://doi.org/10.1186/1472-6831-11-33	Fusobacteriota	Fusobacteriia
					Bacillota	Negativicutes
					Bacteroidota	Bacteroidia
					Saccharibacteria (TM7)	No reportado
2019	Xi, R., Wang, R., Wang, Y., Xiang, Z., Su, Z., Cao, Z., Xu, X., Zheng, X., & Li, J.	Comparative analysis of the oral microbiota between iron-deficiency anaemia (IDA) patients and healthy individuals by high-throughput sequencing	Investigación	https://doi.org/10.1186/s12903-019-0947-6	Bacillota	Bacilli
					Bacillota	Bacilli
					Bacillota	Bacilli
					Pseudomonadota	Gammaproteobacteria
					Pseudomonadota	Gammaproteobacteria
2020	Matsha, T., Prince, Y., Davids, S., Chikte, U., Erasmus, R., Kengne, A., & Davison, G.	Oral Microbiome Signatures in Diabetes Mellitus and Periodontal Disease.	Investigación	https://doi.org/10.1177/0022034520913818	Bacteroidota	Bacteroidia
					Fusobacteriota	Fusobacteriia
					Pseudomonadota	Betaproteobacteria
					Bacteroidota	Bacteroidetes
2022	Tanaka, Y., Yamashita, R., Kawashima, J., Mori, H., Kurokawa, K., Fukuda, S., Gotoh, Y., Nakamura, K.	Omics profiles of fecal and oral microbiota change in irritable bowel syndrome patients with	Investigación	https://doi.org/10.1007/s00535-022-	Actinomycetota	Coriobacteriia
					Bacillota	Bacilli
					Firmicutes	No reportado

	Hayashi, T., Kasahara, Y., Sato, Y., & Fukudo, S.	diarrhea and symptom exacerbation.		<u>01888-2</u>	Fusobacteria	No reportado
					Bacteroidetes	No reportado
2014	Mason, M. R., Preshaw, P. M., Nagaraja, H. N., Dabdoub, S. M., Rahman, A., & Kumar, P. S.	The subgingival microbiome of clinically healthy current and never smokers.	Investigación (comunicación corta)	https://doi.org/10.1038/ismej.2014.114	Fusobacteriota	Fusobacteriia
					Fusobacteriota	Fusobacteriia
					Bacillota	Clostridia
					Bacillota	Bacilli
					Bacillota	Bacilli

2023	Yadav, S., Tripathi, V., & Saran, V.	Identification of habit specific bacteria in human saliva through Next-Generation Sequencing.	Investigación	https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2023.111871	Bacillota	Clostridia
					Actinomycetota	Actinomycetes
					Bacillota	Negativicutes
					Bacteroidota	Bacteroidia
					Bacillota	Clostridia
2018	Li, H., Wang, J., Wu, L., Luo, J., Liang, X., Xiao, B., & Zhu, Y.	The impacts of delivery mode on infant's oral microflora.	Investigación	https://doi.org/10.1038/s41598-018-30397-7	Bacillota	Bacilli
					Bacteroidota	Bacteroidia
					Actinomycetota	Actinomycetes
					Bacteroidota	Bacteroidia
					Bacteroidota	Bacteroidia
2020	Oba, P. M., Holscher, H. D., Mathai, R. A., Kim, J., & Swanson, K. S.	Diet Influences the Oral Microbiota of Infants during the First Six Months of Life.	Investigación	https://doi.org/10.3390/nu12113400	Bacillota	Bacilli
					Bacillota	Bacilli
					Actinomycetota	Actinomycetes
					Bacteroidota	Bacteroidia
					Pseudomonadota	Gammaproteobacteria
2020	Chen, X., Daliri, E. B., Chelliah, R., & Oh, D.	Isolation and Identification of Potentially Pathogenic Microorganisms Associated with Dental Caries in Human Teeth Biofilms.	Investigación	https://doi.org/10.3390/microorganisms8101596	Bacillota	Bacilli
					Bacillota	Bacilli
					Bacillota	Bacilli
					Bacillota	Bacilli

2012	Segata, N., Haake, S., Mannon, P., Lemon, K. P., Waldron, L., Gevers, D., Huttenhower, C., & Izard, J.	Composition of the adult digestive tract bacterial microbiome based on seven mouth surfaces, tonsils, throat and stool samples.	Investigación	https://doi.org/10.1186/gb-2012-13-6-r42	Bacillota	Bacilli
					Bacillota	Negativicutes
					Bacteroidota	Bacteroidia
					Pseudomonadota	Betaproteobacteria
					Actinomycetota	Actinomycetes
2014	Eren, A. M., Borisy, G. G., Huse, S. M., & Welch, J. L. M.	Oligotyping analysis of the human oral microbiome.	Investigación	https://doi.org/10.1073/pnas.1409644111	Pseudomonadota	Betaproteobacteria
					Bacillota	Bacilli
					Bacteroidota	Bacteroidia
					Fusobacteriota	Fusobacteriia
					Bacillota	Negativicutes
2010	Dewhirst, F. E., Chen, T., Izard, J., Paster, B. J., Tanner, A. C. R., Yu, W., Lakshmanan, A., & Wade, W. G.	The human oral microbiome.	Investigación	https://doi.org/10.1128/jb.00542-10	Bacillota	Bacilli
					Bacteroidota	Bacteroidia
					Pseudomonadota	Betaproteobacteria
					Actinomycetota	Actinomycetes
					Spirochaetota	Spirochaetia
2021	Korona-Glowniak, I., Piatek, D., Fornal, E., Lukowiak, A., Gerasymchuk, Y., Kedziora, A., Bugla-Płoskonska, G., Grywalska, E., Bachanek, T., & Malm, A.	Patterns of Oral Microbiota in Patients with Apical Periodontitis.	Investigación	https://doi.org/10.3390/jcm10122707	Actinomycetota	Actinomycetes
					Bacillota	Bacilli
					Actinomycetota	Actinomycetes
					Actinomycetota	Actinomycetes

					Actinomycetota	Actinomycetes
2021	Sano, H., Wakui, A., Kawachi, M., Washio, J., Abiko, Y., Mayanagi, G., Yamaki, K., Tanaka, K., Takahashi, N., & Sato, T.	Profiling system of oral microbiota utilizing polymerase chain reaction-restriction fragment length polymorphism analysis.	Investigación	https://doi.org/10.1016/j.job.2021.05.003	Bacillota	Bacilli
					Bacillota	Bacilli
					Actinomycetota	Actinomycetes
					Bacillota	Negativicutes
					Bacillota	Bacilli
2023	Brzywczy-Sroka, B., Talaga-Ćwiertnia, K., Sroka-Oleksiak, A., Gurgul, A., Zarzecka-Francica, E., Ostrowski, W., Kąkol, J., Zarzecka, J., & Brzywczy-Włoch, M.	Oral microbiota study of the patients after hospitalisation for COVID-19, considering selected dental indices and antibiotic therapy using the next generation sequencing method (NGS).	Investigación	https://doi.org/10.1080/20002297.2023.2264591	Bacillota	Negativicutes
					Bacteroidota	Bacteroidia
					Bacteroidota	Flavobacteriia
					Bacillota	Negativicutes
					Verrucomicrobiota	Verrucomicrobiia

2020	Yuan, B., Yeh, Y., Lin, C., Huang, C., Liu, H., & Chiang, C.	Clinical Detection of Chronic Rhinosinusitis through Next-Generation Sequencing of the Oral Microbiota.	Investigación	https://doi.org/10.3390/microorganisms8060959	Bacillota	Negativicutes
					Actinomycetota	Actinomycetes
					Bacteroidota	Bacteroidia
					Campylobacterota	Epsilonproteobacteria
					Pseudomonadota	Gammaproteobacteria
2021	Huang, S., He, T., Yue, F., Xu, X., Wang, L., Zhu, P., Teng, F., Sun, Z., Liu, X., Jing, G., Su, X., Jin, L., Liu, J., & Xu, J.	Longitudinal Multi-omics and Microbiome Meta-analysis Identify an Asymptomatic Gingival State That Links Gingivitis, Periodontitis, and Aging.	Investigación	https://doi.org/10.1128/mbio.03281-20	Actinomycetota	Actinomycetes
					Bacteroidota	Bacteroidia
					Bacillota	Bacilli
					Bacteroidota	Bacteroidia
					Fusobacteriota	Fusobacteriia
2020	Zhang S, Kong C, Yang Y, Cai S, Li X, Cai G, Ma Y.	Human oral microbiome dysbiosis as a novel non-invasive biomarker in detection of colorectal cancer.	Investigación	https://doi.org/10.7150/thno.49515	Fusobacteriota	Fusobacteriia
					Spirochaetota	Spirochaetia
					Bacteroidota	Bacteroidia
					Bacillota	Bacilli
					Bacillota	Clostridia
					Bacillota	Clostridia
					Fusobacteriota	Fusobacteriia

2016	LU H, Ren Z, Li A, Zhang H, Jiang J, Xu S, Luo Q, Zhou K, Sun X, Zheng S, Li L.	Deep sequencing reveals microbiota dysbiosis of tongue coat in patients with liver carcinoma.	Investigación	https://doi.org/10.1038/srep33142	Pseudomonadota	Gammaproteobacteria
					Pseudomonadota	Gammaproteobacteria
					Fusobacteriota	Fusobacteriia
2015	Yost S, Duran-Pinedo AE, Teles R, Krishnan K, Frias-Lopez J.	Functional signatures of oral dysbiosis during Periodontitis progression revealed by microbial metatranscriptome analysis.	Investigación	https://doi.org/10.1186/s13073-015-0153-3	Bacteroidota	Bacteroidia
					Bacteroidota	Bacteroidia
					Bacillota	Bacilli
					Bacillota	Bacilli
2022	Sánchez, M. C., Velapatiño, A., Llama-Palacios, A., Valdés, A., Cifuentes, A., Ciudad, M. J., & Collado, L.	Metataxonomic and metabolomic evidence of biofilm homeostasis disruption related to Caries: An in vitro study.	Investigación	https://doi.org/10.1111/omi.12363	Bacillota	Bacilli
					Bacillota	Bacilli
					Fusobacteriota	Fusobacteriia
					Pseudomonadota	Alphaproteobacteria
					Actinomycetota	Actinomycetes
2019	Wolff, D., Frese, C., Schoilew, K., Dalpke, A., Wolff, B., & Boutin, S.	Amplicon-based microbiome study highlights the loss of diversity and the establishment of a set of species in patients with dentin Caries.	Investigación	https://doi.org/10.1371/journal.pone.0219714	Actinomycetota	Coriobacteriia
					Bacillota	Bacilli
					Pseudomonadota	Gammaproteobacteria

					Bacillota	Bacilli
					Actinomycetota	Actinomycetes
2023	Kahharova, D., Pappalardo, V., Buijs, M., De Menezes, R., Peters, M., Jackson, R., Hara, A., Eckert, G., Katz, B., Keels, M., Levy, S., Zaura, E., Brandt, B., & Fontana, M	Microbial Indicators of Dental Health, Dysbiosis, and Early Childhood Caries.	Investigación	https://doi.org/10.1177/00220345231160756	Fusobacteriota	Fusobacteriia
					Bacteroidota	Bacteroidia
					Bacillota	Bacilli
					Pseudomonadota	Betaproteobacteria
2020	Kim, D., Barraza, J. P., Arthur, R. A., Hara, A., Lewis, K., Liu, Y., Scisci, E. L., Hajishengallis, E., Whiteley, M., & Koo, H.	Spatial mapping of polymicrobial communities reveals a precise biogeography associated with human dental Caries.	Investigación	https://doi.org/10.1073/pnas.1919099117	Bacillota	Bacilli
2021	Abusleme, L., Hoare, A., Hong, B., & Diaz, P. I.	Microbial signatures of health, gingivitis, and periodontitis.	Investigación (meta analisis)	https://doi.org/10.1111/prd.12362	Fusobacteriota	Fusobacteriia
					Bacteroidota	Bacteroidia
					Bacillota	Bacilli
					Fusobacteriota	Fusobacteriia
					Actinomycetota	Actinomycetes
2024	Manzoor, M., Leskeia, J., Pietiäinen, M., Martinez-Majander, N., Könönen, E., Niiranen, T., Lahti, L., Sinisalo, J., Putaala, J., Pussinen, P. I. & Paju, S.	Shotgun metagenomic analysis of the oral microbiome in gingivitis: a nested case-control study.	Investigación	https://doi.org/10.1080/20002297.2024.2330867	Actinomycetota	Actinomycetes
					Bacillota	Bacilli
					Actinomycetota	Coriobacteriia
					Bacteroidota	Bacteroidia
					Pseudomonadota	Gammaproteobacteria

2018	Shi, M., Wei, Y., Hu, W., Nie, Y., Wu, X., & Lu, R.	The Subgingival Microbiome of Periodontal Pockets With Different Probing Depths in Chronic and Aggressive Periodontitis: A Pilot Study.	Investigación	https://doi.org/10.3389/fcimb.2018.00124	Bacillota	Bacilli
					Fusobacteriota	Fusobacteriia
					Fusobacteriota	Fusobacteriia
					Pseudomonadota	Betaproteobacteria
					Actinomycetota	Actinomycetes
2023	Carrouel, F., Kanoute, A., Lvovschi, V., & Bourgeois, D.	Periodontal pathogens of the interdental microbiota in a 3 months pregnant population with an intact periodontium.	Investigación	https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1275180	Fusobacteriota	Fusobacteriia
					Bacteroidota	Bacteroidia
					Campylobacterota	Epsilonproteobacteria
					Bacillota	Tissierellia
					Bacteroidota	Bacteroidia
2020	Su, S., Chang, L., Huang, H., Peng, C., Chuang, C., Chen, Y., Lu, M., Chiu, Y., Chen, P., & Yang, S.	Oral microbial dysbiosis and its performance in predicting oral cancer.	Investigación	https://doi.org/10.1093/carcin/bgaa062	Fusobacteriota	Fusobacteriia
					Bacillota	Clostridia
					Campylobacterota	Epsilonproteobacteria
					Bacteroidota	Bacteroidia
					Bacteroidota	Flavobacteriia
2018	Lourenço, T. G. B., Spencer, S. J., Alm, E. J., & Colombo, A. P. V.	Defining the gut microbiota in individuals with periodontal diseases: an exploratory study.	Investigación	https://doi.org/10.1080/20002297.2018.1487741	Bacteroidota	Bacteroidia
					Bacteroidota	Bacteroidia
					Bacillota	Negativicutes
					Bacteroidota	Bacteroidia

					Campylobacterota	Epsilonproteobacteria
2013	Miles, B., Zakhary, I., El-Awady, A., Scisci, E., Carrion, J., O'Neill, J. C., Rawlings, A., Stern, J. K., Susin, C., & Cutler, C. W.	Secondary Lymphoid Organ Homing Phenotype of Human Myeloid Dendritic Cells Disrupted by an Intracellular Oral Pathogen.	Investigación	https://doi.org/10.1128/iai.01157-13	Bacteroidota	Bacteroidia

2021	Uchino, Y., Goto, Y., Konishi, Y., Tanabe, K., Toda, H., Wada, M., Kita, Y., Beppu, M., Mori, S., Hijioka, H., Otsuka, T., Natsugoe, S., Hara, E., & Sugiura, T.	Colorectal Cancer Patients Have Four Specific Bacterial Species in Oral and Gut Microbiota in Common—A Metagenomic Comparison with Healthy Subjects.	Investigación	https://doi.org/10.3390/cancers13133332	Bacillota	Clostridia
					Bacillota	Bacilli
					Bacillota	Erysipelotrichia
					Bacillota	Bacilli
					Fusobacteriota	Fusobacteriia
2022	Frank, D. N., Qiu, Y., Cao, Y., Zhang, S., Lu, L., Kofonow, J. M., Robertson, C. E., Liu, Y., Wang, H., Levens, C. L., Kuhn, K. A., Song, J., Ramakrishnan, V. R., & Lu, S.	A dysbiotic microbiome promotes head and neck squamous cell carcinoma.	Investigación	https://doi.org/10.1038/s41388-021-02137-1	Bacillota	Bacilli
					Bacillota	Bacilli
					Bacillota	Bacilli
					Bacillota	Bacilli
					Pseudomonadota	Betaproteobacteria
2022	Vogtmann, E., Hua, X., Yu, G., Purandare, V., Hullings, A. G., Shao, D., Wan, Y., Li, S., Dagnall, C. L., Jones, K., Hicks, B. D., Hutchinson, A., Caporaso, J. G., Wheeler, W., Sandler, D. P., Beane Freeman, L. E., Liao, L. M., Huang, W.-Y., Freedman, N. D., Caporaso, N. E., Sinha, R., Gail, M. H., Shi, J., & Abnet, C. P.	The Oral Microbiome and Lung Cancer Risk: An Analysis of 3 Prospective Cohort Studies	Investigación	https://doi.org/10.1093/jnci/djac149	Bacillota	Bacilli
					Bacillota	Bacilli
					Bacillota	Bacilli
					Bacillota	Tissierellia
					Bacillota	Clostridia
2019	Corrêa, J. D., Fernandes, G. R., Calderaro, D. C., Mendonça, S. M. S., Silva, J. M., Albiero, M. L., Cunha, F. Q., Xiao, E., Ferreira, G. A., Teixeira, A. L., Mukherjee, C., Leys, E. J., Silva, T. A., & Graves, D. T	Oral microbial dysbiosis linked to worsened periodontal condition in rheumatoid arthritis patients.	Investigación	https://doi.org/10.1038/s41598-019-44674-6	Bacteroidota	Bacteroidia
					Bacillota	Tissierellia
					Pseudomonadota	Gammaproteobacteria
					Bacillota	Negativicutes
					Synergistota	Synergistia

2023	Favale, N., Farina, R., Carrieri, A., Simonelli, A., Severi, M., Sabbioni, S., Trombelli, L., & Scapoli, C.	Functional profile of oral plaque microbiome: Further insight into the bidirectional relationship between type 2 diabetes and periodontitis.	Investigación	https://doi.org/10.1111/omi.12418	Bacteroidota	Bacteroidia
					Campylobacterota	Epsilonproteobacteria
					Spirochaetota	Spirochaetia
					Bacteroidota	Bacteroidia
					Bacteroidota	Bacteroidia
2023	Guo, X., Dai, S., Lou, J., Ma, X., Hu, X., Tu, L., Cui, J., Lu, H., Jiang, T., & Xu, J.	Distribution characteristics of oral microbiota and its relationship with intestinal microbiota in patients with type 2 diabetes mellitus.	Investigación	https://doi.org/10.3389/fendo.2023.1119201	Bacillota	Bacilli
					Actinomycetota	Actinomycetes
					Bacillota	Clostridia
					Bacteroidota	Bacteroidia
					Actinomycetota	Actinomycetes
2024	Rubinstein, T., Brickman, A. M., Cheng, B., Burkett, S., Park, H., Annavajhala, M. K., Uhlemann, A., Andrews, H., Gutierrez, J., Paster, B. J., Noble, J. M., & Papapanou, P. N.	Periodontitis and brain magnetic resonance imaging markers of Alzheimer's disease and cognitive aging.	Investigación	https://doi.org/10.1002/alz.13683	Bacteroidota	Bacteroidia
					Bacteroidota	Bacteroidia
					Fusobacteriota	Fusobacteriia
					Bacteroidota	Bacteroidia
					Bacillota	Negativicutes
2023	Na, H. S., Jung, N., Song, Y., Kim, S. Y., Kim, H., Lee, J. Y., & Chung, J.	A distinctive subgingival microbiome in patients with Periodontitis and Alzheimer's disease compared with cognitively unimpaired	Investigación	https://doi.org/10.1111/jcpe.13880	Actinomycetota	Coriobacteriia
					Bacillota	Negativicutes
					Actinomycetota	Coriobacteriia

	L., & Chung, J.	Periodontitispatients.			Saccharibacteria (TM7)	Candidatus Saccharibacteria
					Bacteroidota	Bacteroidia
2024	Tang, Y., Nie, H., Zhang, Y., Wei, Y., Huang, Y., Zhuang, Y., Yang, W., & Zhu, Y.	Effects of Sjogren's syndrome and high sugar diet on oral microbiome in patients with rampantCaries: a clinical study.	Investigación	https://doi.org/10.1186/s12903-024-04150-8	Bacillota	Negativicutes
					Bacillota	Bacilli
					Bacteroidota	Bacteroidia
					Bacillota	Negativicutes
					Pseudomonadota	Gammaproteobacteria
2022	Ganly, I., Hao, Y., Rosenthal, M., Wang, H., Migliacci, J., Huang, B., Katabi, N., Brown, S., Tang, Y., Pei, Z., & Yang, L.	Oral Microbiome in Nonsmoker Patients with Oral Cavity Squamous Cell Carcinoma, Defined by Metagenomic Shotgun Sequencing.	Investigación	https://doi.org/10.3390/cancers14246096	Fusobacteriota	Fusobacteriia
					Bacteroidota	Bacteroidia
					Bacillota	Bacilli
					Actinomycetota	Coriobacteriia
					Bacillota	Negativicutes
2017	Menon, T., Gopalakrishnan, S. N., Balasubramanian, R., & Justin, S. R.	Characterisation of the Human Oral Microbiome in Patients with Coronary Artery Disease Using Next-generation Sequencing of 16SrRNA Amplicons.	Investigación	https://doi.org/10.4103/ijmm.ijmm16_370	Bacillota	Bacilli
					Bacillota	Negativicutes
					Fusobacteriota	Fusobacteriia

					Bacteroidota	Bacteroidia
					Bacteroidota	Flavobacteriia
2006	Conte, M. P., Schippa, S., Zamboni, I., Penta, M., Chiarini, F., Seganti, L., Osborn, J., Falconieri, P., Borrelli, O., & Cucchiara, S.	Gut-associated bacterial microbiota in paediatric patients with inflammatory bowel disease.	Investigación	https://doi.org/10.1136/gut.2005.078824	Pseudomonadota	Gammaproteobacteria
					Bacteroidota	Bacteroidia
					Pseudomonadota	Gammaproteobacteria
					Bacillota	Bacilli
					Bacteroidota	Bacteroidia
2023	Carelli, M., Maguolo, A., Zusi, C., Olivieri, F., Emiliani, F., De Grandi, G., Unali, I., Zerman, N., Signoretto, C., & Maffeis, C.	Oral Microbiota in Children and Adolescents with Type 1 Diabetes Mellitus: Novel Insights into the Pathogenesis of Dental and Periodontal Disease.	Investigación	https://doi.org/10.3390/microorganisms11030668	Bacillota	Bacilli
					Bacillota	Negativicutes
					Pseudomonadota	Gammaproteobacteria
					Bacteroidota	Bacteroidia
					Bacteroidota	Bacteroidia
2017	Flemer, B., Warren, R. D., Barrett, M. P., Cisek, K., Das, A., Jeffery, I. B., Hurley, E., O'Riordain, M., Shanahan, F., & O'Toole, P. W.	The oral microbiota in colorectal cancer is distinctive and predictive.	Investigación	https://doi.org/10.1136/gutjnl-2017-314814	Bacillota	Clostridia
					Bacillota	Tissierellia
					Bacteroidota	Bacteroidia
					Fusobacteriota	Fusobacteriia
					Bacillota	Bacilli

2017	Dhotre, S., Jahagirdar, V., Suryawanshi, N., Davane, M., Patil, R., & Nagoba, B.	Assessment of Periodontitis and its role in viridans streptococcal bacteremia and infective endocarditis.	Investigación	https://doi.org/10.1016/j.ijh.2017.06.019	Bacillota	Bacilli
					Bacillota	Bacilli
					Bacillota	Bacilli
					Bacillota	Bacilli
					Bacillota	Bacilli

Orden	Familia	Genero	Especie	Enfermedad oral y/o condición asociada	Enfermedad sistémica y/o condición asociada
Bacteroidales	Porphyromonadaceae	<i>Porphyromonas</i>	<i>Porphyromonas gingivalis</i>	Periodontitis	No especificado
Spirochaetales	Treponemataceae	<i>Treponema</i>	<i>Treponema denticola</i>	Periodontitis	No especificado
Bacteroidales	Tannerellaceae	<i>Tannerella</i>	<i>Tannerella forsythia</i>	Periodontitis	No especificado
Bacteroidales	Prevotellaceae	<i>Prevotella</i>	<i>Prevotella intermedia</i>	Periodontitis	No especificado
Synergistales	Dethiosulfovibrionaceae	<i>Pyramidobacter</i>	<i>Pyramidobacter piscolens</i>	Periodontitis	No especificado
Moraxellales	Moraxellaceae	<i>Acinetobacter</i>	<i>Acinetobacter guillouiae</i>	No especificado	No especificado
Burkholderiales	Alcaligenaceae	<i>Alcaligenes</i>	<i>Alcaligenes faecalis</i>	No especificado	No especificado
Bacillales	Bacillaceae	<i>Bacillus</i>	<i>Bacillus pumilus</i>	No especificado	No especificado
Bacillales	Staphylococaceae	<i>Staphylococcus</i>	<i>Staphylococcus equorum</i>	No especificado	No especificado
Micrococcales	Microbacteriaceae	<i>Microbacterium</i>	<i>Microbacterium oxydans</i>	No especificado	No especificado
Lactobacillales	Streptococcaceae	<i>Streptococcus</i>	<i>Streptococcus mutans</i>	Caries	No especificado
Bacteroidales	Porphyromonadaceae	<i>Porphyromonas</i>	<i>Porphyromonas gingivalis</i>	Periodontitis	No especificado
Spirochaetales	Treponemataceae	<i>Treponema</i>	<i>Treponema denticola</i>	Periodontitis	No especificado
Bacteroidales	Prevotellaceae	<i>Prevotella</i>	<i>Prevotella intermedia</i>	Periodontitis	No especificado
Desulfobulbales	Desulfobulbaceae	<i>Desulfobulbus</i>	<i>Desulfobulbus oralis</i>	Periodontitis	No especificado
Bacteroidales	Porphyromonadaceae	<i>Porphyromonas</i>	<i>Porphyromonas gingivalis</i>	Periodontitis	No especificado
Spirochaetales	Treponemataceae	<i>Treponema</i>	<i>Treponema denticola</i>	Periodontitis	No especificado
Bacteroidales	Tannerellaceae	<i>Tannerella</i>	<i>Tannerella forsythia</i>	Periodontitis	No especificado
Peptostreptococcales	Filifactoraceae	<i>Filifactor</i>	<i>Filifactor alocis</i>	Periodontitis	No especificado
Pasteurellales	Pasteurellaceae	<i>Aggregatibacter</i>	<i>Aggregatibacter actinomycetemcomitans</i>	Periodontitis	No especificado

Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	<i>Fusobacterium</i>	<i>Fusobacterium spp</i>	Caries	No especificado
No reportado	No reportado	No reportado	No reportado	Caries	No especificado
No reportado	No reportado	No reportado	No reportado	Caries	No especificado
Fusobacteriales	Leptotrichiaceae	<i>Leptotrichia</i>	<i>Leptotrichia buccalis</i>	Gingivitis	No especificado
Selenomonadales	Selenomonadaceae	<i>Selenomonas</i>	<i>Selenomonas spp</i>	Gingivitis	No especificado
Bacteroidales	Prevotellaceae	<i>Prevotella</i>	<i>Prevotella tannerae</i>	Gingivitis	No especificado
No reportado	No reportado	No reportado	No reportado	Periodontitis	No especificado
Lactobacillales	Streptococcaceae	<i>Streptococcus</i>	<i>Streptococcus spp</i>	Gingivitis	No especificado
Lactobacillales	Streptococcaceae	<i>Lactococcus</i>	<i>Lactococcus spp</i>	No especificado	Anemia ferropénica
Lactobacillales	Enterococcaceae	<i>Enterococcus</i>	<i>Enterococcus spp</i>	No especificado	Anemia ferropénica
Lactobacillales	Lactobacillaceae	<i>Lactobacillus</i>	<i>Lactobacillus spp</i>	No especificado	Anemia ferropénica
Pseudomonas	Pseudomonadaceae	<i>Pseudomonas</i>	<i>Pseudomonas spp</i>	No especificado	Anemia ferropénica
Moraxellales	Moraxellaceae	<i>Moraxella</i>	<i>Moraxella spp</i>	No especificado	Anemia ferropénica
Bacteroidales	Prevotellaceae	<i>Prevotella</i>	<i>Prevotella spp</i>	Periodontitis	Diabetes mellitus
Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	<i>Fusobacterium</i>	<i>Fusobacterium spp</i>	Periodontitis	Diabetes mellitus
Neisseriales	Neisseriaceae	<i>Neisseria</i>	<i>Neisseria spp</i>	Periodontitis	Diabetes mellitus
Bacteroidales	Porphyromonadaceae	<i>Porphyromonas</i>	<i>Porphyromonas spp</i>	Periodontitis	Diabetes mellitus
Coriobacteriales	Atopobiaceae	<i>Olsenella</i>	<i>Olsenella spp</i>	Periodontitis	Diabetes mellitus
Bacillales	Bacillaceae	<i>Bacillus</i>	<i>Bacillus spp</i>	No especificado	Síndrome de intestino irritable
Fusobacteriales	Leptotrichiaceae	<i>Leptotrichia</i>	<i>Leptotrichia buccalis</i>	No especificado	Síndrome de intestino irritable
No reportado	No reportado	No reportado	No reportado	No especificado	Síndrome de intestino irritable

No reportado	No reportado	No reportado	No reportado	No especificado	Síndrome de intestino irritable
No reportado	No reportado	No reportado	No reportado	No especificado	No especificado
Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	<i>Fusobacterium</i>	<i>Fusobacterium nucleatum</i>	Periodontitis	Cáncer colorrectal
Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	<i>Fusobacterium</i>	<i>Fusobacterium naviforme</i>	Periodontitis	No especificado
Peptostreptococcales	Filifactoraceae	<i>Filifactor</i>	<i>Filifactor alocis</i>	Periodontitis	No especificado
Lactobacillales	Streptococcaceae	<i>Streptococcus</i>	<i>Streptococcus mutans</i>	Caries	No especificado
Lactobacillales	Lactobacillaceae	<i>Lactobacillus</i>	<i>Lactobacillus spp</i>	Caries	No especificado

Peptostreptococcales	Filifactoraceae	<i>Filifactor</i>	<i>Filifactor spp</i>	No especificado	No especificado
Mycobacteriales	Corynebacteriaceae	<i>Corynebacterium</i>	<i>Corynebacterium spp</i>	No especificado	No especificado
Veillonellales	Veillonellaceae	<i>Veillonella</i>	<i>Veillonella spp</i>	No especificado	No especificado
Bacteroidales	Tannerellaceae	<i>Tannerella</i>	<i>Tannerella spp</i>	No especificado	Tabaquismo
Eubacteriales	Clostridiaceae	<i>Clostridium</i>	<i>Clostridium spp</i>	No especificado	Tabaquismo
Lactobacillales	Lactobacillaceae	<i>Lactobacillus</i>	<i>Lactobacillus spp</i>	No especificado	Parto vaginal
Bacteroidales	Prevotellaceae	<i>Prevotella</i>	<i>Prevotella spp</i>	No especificado	Parto vaginal
Bifidobacteriales	Bifidobacteriaceae	<i>Gardnerella</i>	<i>Gardnerella spp</i>	No especificado	Parto vaginal
Bacteroidales	Dysgonomonadaceae	<i>Petrimonas</i>	<i>Petrimonas spp</i>	No especificado	Parto cesarea
Bacteroidales	Bacteroidaceae	<i>Bacteroides</i>	<i>Bacteroides spp</i>	No especificado	Parto cesarea
Lactobacillales	Streptococcaceae	<i>Streptococcus</i>	<i>Streptococcus spp</i>	No especificado	Lactancia materna
Lactobacillales	Lactobacillaceae	<i>Lactobacillus</i>	<i>Lactobacillus spp</i>	No especificado	Lactancia materna
Propionibacteriales	Propionibacterium	<i>Propionibacterium</i>	<i>Propionibacterium spp</i>	No especificado	No especificado
Bacteroidales	Prevotellaceae	<i>Prevotella</i>	<i>Prevotella spp</i>	No especificado	Alimentación con fórmula
Pasteurellales	Pasteurellaceae	<i>Haemophilus</i>	<i>Haemophilus spp</i>	No especificado	No especificado
Lactobacillales	Streptococcaceae	<i>Streptococcus</i>	<i>Streptococcus salivarius</i>	Caries	No especificado
Lactobacillales	Streptococcaceae	<i>Streptococcus</i>	<i>Streptococcus anginosus</i>	Caries	No especificado
Lactobacillales	Lactobacillaceae	<i>Leuconostoc</i>	<i>Leuconostoc mesenteroides</i>	Caries	No especificado
Lactobacillales	Lactobacillaceae	<i>Lactobacillus</i>	<i>Lactobacillus sakei</i>	Caries	No especificado

Lactobacillales	Streptococcaceae	<i>Streptococcus</i>	<i>Streptococcus spp</i>	Individuos sanos	Individuos sanos
Veillonellales	Veillonellaceae	<i>Veillonella</i>	<i>Veillonella spp</i>	Individuos sanos	Individuos sanos
Bacteroidales	Prevotellaceae	<i>Prevotella</i>	<i>Prevotella spp</i>	Individuos sanos	Individuos sanos
Neisseriales	Neisseriaceae	<i>Neisseria</i>	<i>Neisseria spp</i>	Individuos sanos	Individuos sanos
Mycobacteriales	Corynebacteriaceae	<i>Corynebacterium</i>	<i>Corynebacterium spp</i>	Individuos sanos	Individuos sanos
Neisseriales	Neisseriaceae	<i>Neisseria</i>	<i>Neisseria flavescens</i>	No especificado	No especificado
Lactobacillales	Streptococcaceae	<i>Streptococcus</i>	<i>Streptococcus infantis</i>	No especificado	No especificado
Bacteroidales	Porphyromonadaceae	<i>Porphyromonas</i>	<i>Porphyromonas spp</i>	No especificado	No especificado
Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	<i>Fusobacterium</i>	<i>Fusobacterium periodonticum</i>	No especificado	No especificado
Veillonellales	Veillonellaceae	<i>Veillonella</i>	<i>Veillonella parvula</i>	No especificado	No especificado
Lactobacillales	Streptococcaceae	<i>Streptococcus</i>	<i>Streptococcus spp</i>	No especificado	No especificado
Bacteroidales	Prevotellaceae	<i>Prevotella</i>	<i>Prevotella spp</i>	No especificado	No especificado
Neisseriales	Neisseriaceae	<i>Neisseria</i>	<i>Neisseria spp</i>	No especificado	No especificado
Actinomycetales	Actinomycetaceae	<i>Actinomyces</i>	<i>Actinomyces spp</i>	Caries	No especificado
Spirochaetales	Treponemataceae	<i>Treponema</i>	<i>Treponema spp</i>	No especificado	No especificado
Actinomycetales	Actinomycetaceae	<i>Actinomyces</i>	<i>Actinomyces spp</i>	Periodontitis	No especificado
Lactobacillales	Lactobacillaceae	<i>Lactobacillus</i>	<i>Lactobacillus spp</i>	Periodontitis	No especificado
Propionibacteriales	Propionibacteriaceae	<i>Propionibacterium</i>	<i>Propionibacterium spp</i>	Periodontitis	No especificado
Micrococcales	Micrococcaceae	<i>Rothia</i>	<i>Rothia spp</i>	Periodontitis	No especificado

Mycobacteriales	Corynebacteriaceae	<i>Corynebacterium</i>	<i>Corynebacterium matruchotii</i>	Periodontitis	No especificado
Lactobacillales	Streptococcaceae	<i>Streptococcus</i>	<i>Streptococcus mitis</i>	No especificado	No especificado
Lactobacillales	Streptococcaceae	<i>Streptococcus</i>	<i>Streptococcus oralis</i>	No especificado	No especificado
Actinomycetales	Actinomycetaceae	<i>Actinomyces</i>	<i>Actinomyces naeslundii</i>	No especificado	No especificado
Veillonellales	Veillonellaceae	<i>Veillonella</i>	<i>Veillonella parvula</i>	No especificado	No especificado
Lactobacillales	Streptococcaceae	<i>Streptococcus</i>	<i>Streptococcus sanguinis</i>	No especificado	No especificado
Veillonellales	Veillonellaceae	<i>Veillonella</i>	<i>Veillonella spp</i>	No especificado	COVID-19 y tratamiento antibiotico
Bacteroidales	Tannerellaceae	<i>Tannerella</i>	<i>Tannerella spp</i>	Periodontitis	COVID-19 y tratamiento antibiotico
Flavobacteriales	Flavobacteriaceae	<i>Capnocytophaga</i>	<i>Capnocytophaga spp</i>	Periodontitis	COVID-19 y tratamiento antibiotico
Selenomonadales	Selenomonadaceae	<i>Selenomonas</i>	<i>Selenomonas spp</i>	Periodontitis	COVID-19 y tratamiento antibiotico
Verrucomicrobiales	Akkermansiaceae	<i>Akkermansia</i>	<i>Akkermansia spp</i>	No especificado	Individuos sanos

Veillonellales	Veillonellaceae	<i>Veillonella</i>	<i>Veillonella dispar</i>	Periodontitis	Rinosinusitis crónica
Micrococcales	Micrococcaceae	<i>Rothia</i>	<i>Rothia mucilaginosa</i>	Enfermedad periodontal	Rinosinusitis crónica
Bacteroidales	Porphyromonadaceae	<i>Porphyromonas</i>	<i>Porphyromonas endodontalis</i>	Enfermedad periodontal	Rinosinusitis crónica
Campylobacterales	Campylobacteraceae	<i>Campylobacter</i>	<i>Campylobacter spp</i>	Periodontitis	Infección gastrointestinal
Cardiobacteriales	Cardiobacteriaceae	<i>Cardiobacterium</i>	<i>Cardiobacterium spp</i>	Individuos sanos	Endocarditis
Micrococcales	Micrococcaceae	<i>Rothia</i>	<i>Rothia dentocariosa</i>	Individuos sanos	Individuos sanos
Bacteroidales	Porphyromonadaceae	<i>Porphyromonas</i>	<i>Porphyromonas gingivalis</i>	Gingivitis	No especificado
Lactobacillales	Streptococcaceae	<i>Streptococcus</i>	<i>Streptococcus sanguinis</i>	Individuos sanos	Individuos sanos
Bacteroidales	Prevotellaceae	<i>Prevotella</i>	<i>Prevotella spp</i>	Gingivitis	No especificado
Fusobacteriales	Leptotrichiaceae	<i>Leptotrichia</i>	<i>Leptotrichia spp</i>	Gingivitis	No especificado
Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	<i>Fusobacterium</i>	<i>Fusobacterium spp</i>	Periodontitis	Adenoma colorrectal
Spirochaetales	Treponemataceae	<i>Treponema</i>	<i>Treponema spp</i>	Periodontitis	Cáncer colorrectal
Bacteroidales	Porphyromonadaceae	<i>Porphyromonas</i>	<i>Porphyromonas spp</i>	Periodontitis	Cáncer colorrectal
Lactobacillales	Streptococcaceae	<i>Streptococcus</i>	<i>Streptococcus spp</i>	No especificado	Biopelícula de la cavidad oral
Eubacteriales	Oscillospiraceae	<i>Faecalibacterium</i>	<i>Faecalibacterium spp</i>	No especificado	Biopelícula de la cavidad oral
Lachnospirales	Lachnospiraceae	<i>Oribacterium</i>	<i>Oribacterium spp</i>	No especificado	Carcinoma hepático
Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	<i>Fusobacterium</i>	<i>Fusobacterium spp</i>	No especificado	Carcinoma hepático

Pasteurellales	Pasteurellaceae	<i>Haemophilus</i>	<i>Haemophilus spp</i>	No especificado	Individuos sanos
Pseudomonas	Pseudomonadaceae	<i>Pseudomonas</i>	<i>Pseudomonas spp</i>	Individuos sanos	Individuos sanos
Fusobacteriales	Leptotrichiaceae	<i>Leptotrichia</i>	<i>Leptotrichia spp</i>	No especificado	Carcinoma hepático
Bacteroidales	Tannerellaceae	<i>Tannerella</i>	<i>Tannerella forsythia</i>	Periodontitis	No especificado
Bacteroidales	Porphyromonadaceae	<i>Porphyromonas</i>	<i>Porphyromonas gingivalis</i>	Periodontitis	No especificado
Lactobacillales	Streptococcaceae	<i>Streptococcus</i>	<i>Streptococcus oralis</i>	No especificado	Factores de virulencia
Lactobacillales	Streptococcaceae	<i>Streptococcus</i>	<i>Streptococcus mutans</i>	No especificado	Factores de virulencia
Lactobacillales	Streptococcaceae	<i>Streptococcus</i>	<i>Streptococcus intermedius</i>	No especificado	Factores de virulencia
Lactobacillales	Streptococcaceae	<i>Streptococcus</i>	<i>Streptococcus spp</i>	No especificado	No especificado
Bacillales	Gemellaceae	<i>Gemella</i>	<i>Gemella spp</i>	No especificado	No especificado
Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	<i>Fusobacterium</i>	<i>Fusobacterium spp</i>	Caries	No especificado
Sphingomonadales	Sphingomonadaceae	<i>Sphingomonas</i>	<i>Sphingomonas spp</i>	Caries	No especificado
Bifidobacteriales	Bifidobacteriaceae	<i>Alcaligenes</i>	<i>Alloscardovia spp</i>	No especificado	No especificado
Coriobacteriales	Atopobiaceae	<i>Atopobium</i>	<i>Atopobium spp</i>	Caries	No especificado
Lactobacillales	Lactobacillaceae	<i>Lactobacillus</i>	<i>Lactobacillus casei</i>	Caries	No especificado
Moraxellales	Moraxellaceae	<i>Acinetobacter</i>	<i>Acinetobacter spp</i>	Caries	No especificado

Lactobacillales	Lactobacillaceae	<i>Lactobacillus</i>	<i>Lactobacillus gasseri</i>	Caries	No especificado
Bifidobacteriales	Bifidobacteriaceae	<i>Parascardovia</i>	<i>Parascardovia denticolens</i>	Caries	No especificado
Fusobacteriales	Leptotrichiaceae	<i>Leptotrichia</i>	<i>Leptotrichia spp</i>	Caries	No especificado
Bacteroidales	Prevotellaceae	<i>Prevotella</i>	<i>Prevotella spp</i>	Caries	No especificado
Lactobacillales	Streptococcaceae	<i>Streptococcus</i>	<i>Streptococcus mutans</i>	Caries	No especificado
Neisseriales	Neisseriaceae	<i>Neisseria</i>	<i>Neisseria spp</i>	Caries	No especificado
Lactobacillales	Streptococcaceae	<i>Streptococcus</i>	<i>Streptococcus mutans</i>	Caries	No especificado
			<i>Streptococcus oralis</i>	No especificado	No especificado
Fusobacteriales	Leptotrichiaceae	<i>Leptotrichia</i>	<i>Leptotrichia buccalis</i>	Gingivitis	No especificado
Bacteroidales	Prevotellaceae	<i>Prevotella</i>	<i>Prevotella intermedia</i>	Periodontitis	No especificado
Lactobacillales	Streptococcaceae	<i>Streptococcus</i>	<i>Streptococcus spp</i>	Periodontitis	No especificado
Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	<i>Fusobacterium</i>	<i>Fusobacterium nucleatum</i>	Gingivitis	No especificado
Actinomycetales	Actinomycetaceae	<i>Actinomyces</i>	<i>Actinomyces spp</i>	Periodontitis	No especificado
Actinomycetales	Actinomycetaceae	<i>Actinomyces</i>	<i>Actinomyces oris</i>	Periodontitis	No especificado
Lactobacillales	Streptococcaceae	<i>Streptococcus</i>	<i>Streptococcus oralis</i>	Gingivitis	No especificado
Coriobacteriales	Atopobiaceae	<i>Olsenella</i>	<i>Olsenella spp</i>	Gingivitis	No especificado
Bacteroidales	Tannerellaceae	<i>Tannerella</i>	<i>Tannerella forsythia</i>	Gingivitis	No especificado
Pasteurellales	Pasteurellaceae	<i>Aggregatibacter</i>	<i>Aggregatibacter spp</i>	Gingivitis	No especificado

Lactobacillales	Streptococcaceae	<i>Streptococcus</i>	<i>Streptococcus spp</i>	Periodontitis	No especificado
Fusobacteriales	Leptotrichiaceae	<i>Leptotrichia</i>	<i>Leptotrichia spp</i>	Periodontitis	No especificado
Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	<i>Fusobacterium</i>	<i>Fusobacterium spp</i>	Periodontitis	No especificado
Neisseriales	Neisseriaceae	<i>Neisseria</i>	<i>Neisseria spp</i>	Periodontitis	No especificado
Actinomycetales	Actinomycetaceae	<i>Actinomyces</i>	<i>Actinomyces spp.</i>	Periodontitis	No especificado
Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	<i>Fusobacterium</i>	<i>Fusobacterium nucleatum</i>	Inicio enfermedad periodontal	No especificado
Bacteroidales	Prevotellaceae	<i>Prevotella</i>	<i>Prevotella intermedia</i>	Inicio enfermedad periodontal	No especificado
Campylobacterales	Campylobacteraceae	<i>Campylobacter</i>	<i>Campylobacter rectus</i>	Inicio enfermedad periodontal	No especificado
Tissierellales	Peptoniphilaceae	<i>Parvimonas</i>	<i>Parvimonas micra</i>	Inicio enfermedad periodontal	No especificado
Bacteroidales	Porphyromonadaceae	<i>Porphyromonas</i>	<i>Porphyromonas gingivalis</i>	Inicio enfermedad periodontal	No especificado
Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	<i>Fusobacterium</i>	<i>Fusobacterium nucleatum</i>	No especificado	Cáncer oral
Peptostreptococcales	Peptostreptococcaceae	<i>Peptostreptococcus</i>	<i>Peptostreptococcus spp</i>	No especificado	Cáncer oral
Campylobacterales	Campylobacteraceae	<i>Campylobacter</i>	<i>Campylobacter concisus</i>	No especificado	Cáncer oral
Bacteroidales	Prevotellaceae	<i>Prevotella</i>	<i>Prevotella spp</i>	No especificado	Cáncer oral
Flavobacteriales	Flavobacteriaceae	<i>Capnocytophaga</i>	<i>Capnocytophaga spp</i>	No especificado	Cáncer oral
Bacteroidales	Prevotellaceae	<i>Prevotella</i>	<i>Prevotella spp</i>	Gingivitis	No especificado
Bacteroidales	Porphyromonadaceae	<i>Porphyromonas</i>	<i>Porphyromonas endodontalis</i>	Infección endodóntica	No especificado
Selenomonadales	Selenomonadaceae	<i>Selenomonas</i>	<i>Selenomonas noxia</i>	Enfermedad periodontal	No especificado
Bacteroidales	Tannerellaceae	<i>Tannerella</i>	<i>Tannerella spp</i>	Enfermedad periodontal	No especificado

Campylobacterales	Campylobacteraceae	<i>Campylobacter</i>	<i>Campylobacter spp</i>	Enfermedad periodontal	No especificado
Bacteroidales	Porphyromonadaceae	<i>Porphyromonas</i>	<i>Porphyromonas gingivalis</i>	Periodontitis	No especificado

Peptostreptococcales	Peptostreptococcaceae	<i>Peptostreptococcus</i>	<i>Peptostreptococcus stomatis</i>	Periodontitis	Cáncer colorrectal
Lactobacillales	Streptococcaceae	<i>Streptococcus</i>	<i>Streptococcus anginosus</i>	Periodontitis	Cáncer colorrectal
				Bacteremia	
Erysipelotrichales	Erysipelotrichaceae	<i>Solobacterium</i>	<i>Solobacterium moorei</i>	No especificado	No especificado
Lactobacillales	Streptococcaceae	<i>Streptococcus</i>	<i>Streptococcus koreensis</i>	Periodontitis	No especificado
Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	<i>Fusobacterium</i>	<i>Fusobacterium spp</i>	No especificado	Cáncer colorrectal
Lactobacillales	Lactobacillaceae	<i>Lactobacillus</i>	<i>Lactobacillus fermentum</i>	Microbioma disbiótico	Carcinoma de células escamosas de cabeza y cuello
Lactobacillales	Lactobacillaceae	<i>Lactobacillus</i>	<i>Lactobacillus rhamnosus</i>	Microbioma disbiótico	Carcinoma de células escamosas de cabeza y cuello
Lactobacillales	Lactobacillaceae	<i>Lactobacillus</i>	<i>Lactobacillus johnsonii</i>	Microbioma disbiótico	Carcinoma de células escamosas de cabeza y cuello
Lactobacillales	Lactobacillaceae	<i>Lactobacillus</i>	<i>Lactobacillus vaginalis</i>	Microbioma disbiótico	Carcinoma de células escamosas de cabeza y cuello
Neisseriales	Neisseriaceae	<i>Neisseria</i>	<i>Neisseria subflava</i>	Microbioma disbiótico	Carcinoma de células escamosas de cabeza y cuello
Lactobacillales	Aerococcaceae	<i>Abiotrophia</i>	<i>Abiotrophia spp</i>	No especificado	Cáncer de pulmón
Lactobacillales	Lactobacillaceae	<i>Lactobacillus</i>	<i>Lactobacillus spp</i>	No especificado	Cáncer de pulmón
Lactobacillales	Streptococcaceae	<i>Streptococcus</i>	<i>Streptococcus spp</i>	No especificado	Cáncer de pulmón
Tissierellales	Peptoniphilaceae	<i>Peptoniphilus</i>	<i>Peptoniphilus spp</i>	No especificado	Cáncer de pulmón
Peptostreptococcales	Peptostreptococcaceae	<i>Peptostreptococcus</i>	<i>Peptostreptococcus spp</i>	No especificado	Cáncer de pulmón
Bacteroidales	Prevotellaceae	<i>Prevotella</i>	<i>Prevotella spp</i>	Periodontitis	Artritis reumatoide
Tissierellales	Peptoniphilaceae	<i>Parvimonas</i>	<i>Parvimonas micra</i>	Periodontitis	Artritis reumatoide
Pasteurellales	Pasteurellaceae	<i>Aggregatibacter</i>	<i>Aggregatibacter actinomycetemcomitans</i>	Periodontitis	Artritis reumatoide
Selenomonadales	Selenomonadaceae	<i>Selenomonas</i>	<i>Selenomonas noxia</i>	Periodontitis	Artritis reumatoide
Synergistales	Aminobacteriaceae	<i>Fretibacterium</i>	<i>Fretibacterium fastidiosum</i>	Periodontitis	Artritis reumatoide

Bacteroidales	Porphyromonadaceae	<i>Porphyromonas</i>	<i>Porphyromonas gingivalis</i>	Periodontitis	Diabetes tipo 2 (DT2)
Campylobacterales	Campylobacteraceae	<i>Campylobacter</i>	<i>Campylobacter rectus</i>	Periodontitis	Diabetes tipo 2 (DT2)
Spirochaetales	Treponemataceae	<i>Treponema</i>	<i>Treponema maltophilum</i>	Periodontitis	Diabetes tipo 2 (DT2)
Bacteroidales	Prevotellaceae	<i>Prevotella</i>	<i>Prevotella intermedia</i>	Periodontitis	Diabetes tipo 2 (DT2)
Bacteroidales	Porphyromonadaceae	<i>Porphyromonas</i>	<i>Porphyromonas endodontalis</i>	Periodontitis	Diabetes tipo 2 (DT2)
Lactobacillales	Streptococcaceae	<i>Streptococcus</i>	<i>Streptococcus spp</i>	No especificado	Diabetes mellitus tipo 2
Actinomycetales	Actinomycetaceae	<i>Actinomyces</i>	<i>Actinomyces spp,</i>	No especificado	Diabetes mellitus tipo 2
Lachnospirales	Lachnospiraceae	<i>Blautia</i>	<i>Blautia spp</i>	No especificado	Diabetes mellitus tipo 2
Bacteroidales	Prevotellaceae	<i>Prevotella</i>	<i>Prevotella spp</i>	No especificado	Diabetes mellitus tipo 2
Micrococcales	Micrococcaceae	<i>Rothia</i>	<i>Rothia spp</i>	No especificado	Diabetes mellitus tipo 2
Bacteroidales	Porphyromonadaceae	<i>Porphyromonas</i>	<i>Porphyromonas gingivalis</i>	Periodontitis	Enfermedad de Alzheimer
Bacteroidales	Prevotellaceae	<i>Prevotella</i>	<i>Prevotella intermedia</i>	Periodontitis	Neurodegeneración
				Gingivitis	
Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	<i>Fusobacterium</i>	<i>Fusobacterium nucleatum</i>	Periodontitis	Microhemorragias cerebrales y mayor riesgo de infartos cerebrales
Bacteroidales	Tannerellaceae	<i>Tannerella</i>	<i>Tannerella forsythia</i>	Periodontitis	Neurodegeneración
Veillonellales	Veillonellaceae	<i>Veillonella</i>	<i>Veillonella parvula</i>	Periodontitis	No especificado
				Caries	
Coriobacteriales	Atopobiaceae	<i>Lancefieldella</i>	<i>Lancefieldella rimae</i>	No especificado	No especificado
Veillonellales	Veillonellaceae	<i>Dialister</i>	<i>Dialister pneumosintes</i>	Periodontitis	Inflamación sistémica
Coriobacteriales	Atopobiaceae	<i>Olsenella</i>	<i>Olsenella sp. HMT 807</i>	Periodontitis	No especificado

No clasificado	No clasificado	<i>No clasificado</i>	<i>Saccharibacteria (TM7) sp. HMT 348</i>	Periodontitis	Inflamación sistémica
Bacteroidales	Prevotellaceae	<i>Prevotella</i>	<i>Prevotella spp</i>	Periodontitis	Inflamación sistémica
Veillonellales	Veillonellaceae	<i>Veillonella</i>	<i>Veillonella spp</i>	Caries rampante	Síndrome de Sjögren
Lactobacillales	Streptococcaceae	<i>Streptococcus</i>	<i>Streptococcus spp</i>	Caries rampante	Síndrome de Sjögren
Bacteroidales	Prevotellaceae	<i>Prevotella</i>	<i>Prevotella spp</i>	Caries rampante	Inflamación e infección sistémica
Veillonellales	Veillonellaceae	<i>Dialister</i>	<i>Dialister spp</i>	Caries rampante	No especificado
Pasteurellales	Pasteurellaceae	<i>Haemophilus</i>	<i>Haemophilus spp</i>	Caries rampante	No especificado
Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	<i>Fusobacterium</i>	<i>Fusobacterium nucleatum</i>	No especificado	Carcinoma de células escamosas de la cavidad oral (CO-SCC) y cáncer colorectal
Bacteroidales	Porphyromonadaceae	<i>Porphyromonas</i>	<i>Porphyromonas spp</i>	No especificado	Carcinoma de células escamosas de la cavidad oral (CO-SCC)
Lactobacillales	Streptococcaceae	<i>Streptococcus</i>	<i>Streptococcus salivarius</i>	No especificado	Carcinoma de células escamosas de la cavidad oral (CO-SCC)
Eggerthellales	Eggerthellaceae	<i>Cryptobacterium</i>	<i>Cryptobacterium curtum</i>	No especificado	Carcinoma de células escamosas de la cavidad oral (CO-SCC)
Selenomonadales	Selenomonadaceae	<i>Selenomonas</i>	<i>Selenomonas noxia</i>	No especificado	Carcinoma de células escamosas de la cavidad oral (CO-SCC)
Lactobacillales	Streptococcaceae	<i>Streptococcus</i>	<i>Streptococcus spp</i>	Periodontitis	Enfermedad de las arterias coronarias
				Caries	
Veillonellales	Veillonellaceae	<i>Veillonella</i>	<i>Veillonella spp</i>	Periodontitis	No especificado
				Caries	
Fusobacteriales	Leptotrichiaceae	<i>Leptotrichia</i>	<i>Leptotrichia spp</i>	Periodontitis	No especificado
				Caries	

Bacteroidales	Prevotellaceae	<i>Prevotella</i>	<i>Prevotella spp</i>	Periodontitis	Enfermedad de las arterias coronarias
Flavobacteriales	Flavobacteriaceae	<i>Capnocytophaga</i>	<i>Capnocytophaga spp</i>	Periodontitis	No especificado
Enterobacterales	Enterobacteriaceae	<i>Escherichia</i>	<i>Escherichia coli</i>	No especificado	Enfermedad inflamatoria intestinal
Bacteroidales	Bacteroidaceae	<i>Phocaeicola</i>	<i>Phocaeicola vulgatus</i>	No especificado	Enfermedad inflamatoria intestinal
Enterobacterales	Enterobacteriaceae	<i>Klebsiella</i>	<i>Klebsiella spp</i>	No especificado	Enfermedad inflamatoria intestinal
Lactobacillales	Enterococcaceae	<i>Enterococcus</i>	<i>Enterococcus spp</i>	No especificado	Enfermedad inflamatoria intestinal
Bacteroidales	Prevotellaceae	<i>Prevotella</i>	<i>Prevotella spp</i>	No especificado	Enfermedad inflamatoria intestinal
Lactobacillales	Streptococcaceae	<i>Streptococcus</i>	<i>Streptococcus mutans</i>	Caries	Diabetes mellitus tipo 1
				Caries	
Veillonellales	Veillonellaceae	<i>Veillonella</i>	<i>Veillonella spp</i>	Caries	Diabetes mellitus tipo 1
Pasteurellales	Pasteurellaceae	<i>Aggregatibacter</i>	<i>Aggregatibacter actinomycetemcomitans</i>	Periodontitis	Diabetes mellitus tipo 1
Bacteroidales	Prevotellaceae	<i>Prevotella</i>	<i>Prevotella intermedia</i>	Periodontitis	No especificado
Bacteroidales	Porphyromonadaceae	<i>Porphyromonas</i>	<i>Porphyromonas gingivalis</i>	Periodontitis	No especificado
Peptostreptococcales	Peptostreptococcaceae	<i>Peptostreptococcus</i>	<i>Peptostreptococcus stomatis</i>	No especificado	Cáncer colorrectal
Tissierellales	Peptoniphilaceae	<i>Parvimonas</i>	<i>Parvimonas micra</i>	No especificado	Cáncer colorrectal
Bacteroidales	Prevotellaceae	<i>Prevotella</i>	<i>Prevotella spp</i>	No especificado	Cáncer colorrectal
Fusobacteriales	Fusobacteriaceae	<i>Fusobacterium</i>	<i>Fusobacterium nucleatum.</i>	No especificado	Cáncer colorrectal
Lactobacillales	Streptococcaceae	<i>Streptococcus</i>	<i>Streptococcus spp</i>	No especificado	Cáncer colorrectal

Lactobacillales	Streptococcaceae	<i>Streptococcus</i>	<i>Streptococcus sanguinis</i>	Individuos sanos	Bacteriemia y endocarditis infecciosa causadas por estreptococos del grupo viridans (VGS) .
				Periodontitis	
Lactobacillales	Streptococcaceae	<i>Streptococcus</i>	<i>Streptococcus mitis</i>	Individuos sanos	Bacteriemia y endocarditis infecciosa causadas por estreptococos del grupo viridans (VGS) .
				Periodontitis	
Lactobacillales	Streptococcaceae	<i>Streptococcus</i>	<i>Streptococcus oralis</i>	Individuos sanos	Bacteriemia y endocarditis infecciosa causadas por estreptococos del grupo viridans (VGS) .
				Periodontitis	
Lactobacillales	Streptococcaceae	<i>Streptococcus</i>	<i>Streptococcus mutans</i>	Individuos sanos	Bacteriemia y endocarditis infecciosa causadas por estreptococos del grupo viridans (VGS) .
				Periodontitis	
Lactobacillales	Carnobacteriaceae	<i>Granulicatella</i>	<i>Granulicatella elegans</i>	Individuos sanos	Bacteriemia y endocarditis infecciosa causadas por estreptococos del grupo viridans (VGS) .
				Periodontitis	

Técnica molecular empleada	Principales hallazgos	Observaciones	Base de datos
Aplicación de técnicas de bioinformática y alineación de secuencias mediante BWA-MEM.	<p>Cuando los genomas se agruparon por especies, las 10 especies más abundantes en Periodontitis contribuyeron con más del 50% de las lecturas de transcripción. Entre ellas, Porphyromonas gingivalis, Treponema denticola y Tannerella forsythia son los llamados patógenos del “complejo rojo”. Curiosamente, Prevotella intermedia fue la segunda bacteria más dominante en Periodontitis crónica (después de P. gingivalis). Aunque P. intermedia es un patógeno oral establecido que pertenece al “complejo naranja”.</p>		Pubmed
Secuenciación Sanger del gen 16S ARNr	<p>Las 19 cepas pertenecían a Proteobacteria, Firmicutes y Actinobacteria. Entre los 19 aislados, se encontró que once cepas poseían una alta capacidad de formación de biopelículas comparativamente y el ensayo de actividad antimicrobiana mostró que las plantas seleccionadas inhibieron considerablemente su crecimiento.</p>		Pubmed
Secuenciación metagenómica Shotgun Illumina	<p>Las muestras se agruparon en tres ecotipos en función de su composición microbiana. El ecotipo 3 solo se detectó en la periodontitis. Se encontraron 64 ARGs que transmitían resistencia a 36 antibióticos, particularmente a tetraciclina, macrólido-lincosamida-estreptogramina y antibióticos betalactámicos, y una prevalencia correspondientemente alta de resistencia fenotípica.</p>		Pubmed
Metagenómica Illumina del 16S ARNr	<p>los géneros Porphyromonas, Treponema, Tannerella, Filifactor y Aggregatibacter eran más abundantes en los pacientes con enfermedad periodontal, mientras que Streptococcus, Haemophilus, Capnocytophaga, Gemella, Campylobacter y Granulicatella se encontraron en niveles más altos en controles sanos.</p> <p>La especie Mycoplasma faucium estaba significativamente enriquecida en muestras de pacientes con enfermedad periodontal.</p>		Pubmed

Secuenciación Illumina del gen 16S ARNr	El análisis metatranscriptómico reveló las alteraciones y la composición de la microbiota oral en los grupos C y DC. La abundancia relativa en el grupo C se asoció con Firmicutes, Actinobacteria y Bacteroidetes. Mientras que, se encontró que la composición microbiana en el grupo DC estaba considerablemente alterada con aumentos en la abundancia de Proteobacteria (25%), Fusobacteria (15%) y Cianobacterias (8%), mientras que disminuciones en la abundancia de Firmicutes (10%) y Bacteroidetes (23%).		Pubmed
Pirosecuenciación del gen 16S ARNr	Se encontraron ocho taxones predominantes asociados a la gingivitis: TM7, Leptotrichia, Selenomonas, Streptococcus, Veillonella, Prevotella, Lautropia y Haemophilus. Además, se identificaron 98 OTU a nivel de especie asociadas a la gingivitis, lo que proporcionó características microbianas de la gingivitis a una resolución de especie.		Pubmed
Secuenciación Illumina del gen 16S ARNr	La deficiencia de hierro conduce a una menor diversidad interna en la flora oral. Las abundancias de los géneros Corynebacterium, Neisseria, Cardiobacterium, Capnocytophaga y Aggregatibacter fueron significativamente mayores en los controles sanos, mientras que los géneros Lactococcus, Enterococcus, Lactobacillus, Pseudomonas y Moraxella mostraron mayores proporciones en el grupo IDA .		Pubmed
Secuenciación Ion Torrent del gen 16S ARNr	El estudio identificó que Firmicutes, Proteobacteria, Bacteroidetes, Fusobacteria y Actinobacteria representaron más del 98% de la microbiota oral. En sujetos con diabetes, Fusobacterias y Actinobacterias fueron más abundantes, mientras que Proteobacterias fueron menos frecuentes. En presencia de sangrado gingival, las Actinobacterias disminuyeron notablemente y los Bacteroidetes aumentaron, destacando el impacto del sangrado en la composición microbiana en diabetes.		Pubmed
Secuenciación Illumina del gen 16S ARNr	pacientes con síndrome de intestino irritable (IBS) con exacerbación de síntomas (IBS-s), hubo una disminución en la riqueza microbiana medida por el índice de Shannon en comparación con pacientes sin exacerbación (IBS-n). Se observaron cambios significativos en la composición		Pubmed

	<p>taxonómica, con un aumento en la abundancia de Actinobacteria y Firmicutes, y una disminución de Bacteroidetes durante la exacerbación de los síntomas.</p>		
<p>Pirosecuenciación del gen 16S ARNr</p>	<p>el microbioma subgingival de los fumadores clínicamente sanos era significativamente diferente al de los no fumadores, mostrando una comunidad microbiana más diversa, rica en patógenos y pobre en comensales beneficiosos. Los fumadores presentaron mayores abundancias de microorganismos anaerobios, como <i>Fusobacterium nucleatum</i> y <i>Filifactor alocis</i>, asociados con enfermedades periodontales y sistémicas, mientras que los no fumadores tenían niveles más altos de bacterias beneficiosas como <i>Streptococcus sanguinis</i> y <i>Granulicatella elegans</i>.</p>		<p>Pubmed</p>

<p>Secuenciación Illumina del gen 16S ARNr</p>	<p>los fumadores mostraron mayores concentraciones de géneros como Streptococcus, Prevotella y Veillonella, junto con la presencia exclusiva de bacterias como Clostridium y Filifactor; los consumidores de alcohol presentaron mayores niveles de Fusobacterium y Aggregatibacter; y los veganos exhibieron una mayor prevalencia de Actinomyces y Citrobacter.</p>		<p>Pubmed</p>
<p>Secuenciación Illumina del gen 16S ARNr</p>	<p>se encontraron diferentes bacterias orales entre los recién nacidos nacidos por cesárea en comparación con el grupo de parto vaginal. Lactobacillus, Prevotella y Gardnerella fueron los géneros más abundantes en el grupo vaginal, mientras que Petrimonas, Bacteroides, Desulfovibrio, Pseudomonas, Staphylococcus, Tepidmicrobium, VadinCA02 y Bifidobacterium fueron bacterias dominantes en el grupo de cesáreas.</p>		<p>Pubmed</p>
<p>Secuenciación Illumina del gen 16S ARNr</p>	<p>los lactantes alimentados con leche materna y mixtos presentaron menor riqueza de especies orales que los lactantes alimentados con alimentos sólidos. El análisis de coordenadas principales (PCoA) de las distancias métricas de fracción única (UniFrac) indicó que las comunidades bacterianas se vieron afectadas por el método de alimentación ($p < 0.005$). Los lactantes amamantados tenían más Streptococcus, mientras que los lactantes alimentados con fórmula tenían más Actinomyces y Prevotella. Independientemente del modo de alimentación, Propionibacterium, Porphyromonas, Prevotella, Gemella, Granulicatella, Veillonella, Fusobacterium, Leptotrichia, Neisseria y Haemophilus aumentaron con la edad, mientras que Cloacibacterium y Dechloromonas disminuyeron con la edad.</p>		<p>Pubmed</p>
<p>Secuenciación con tecnología no especificada del gen 16S ARNr</p>	<p>Se identificaron cuatro cepas potencialmente cariogénicas asociadas a biofilms dentales humanos: Streptococcus salivarius, Streptococcus anginosus, Leuconostoc mesenteroides y Lactobacillus sakei. Estas cepas mostraron alta acidogenicidad y tolerancia a pH ácido, características clave en el desarrollo de Caries. Por primera vez, se reporta una asociación entre L. sakei, un probiótico común en alimentos fermentados, y Caries dentales</p>		<p>Pubmed</p>

<p>Pirosecuenciación del gen 16S ARNr</p>	<p>Se caracterizó la microbiota bacteriana del tracto digestivo de adultos sanos, identificando cuatro grupos distintivos de comunidades microbianas: mucosa bucal, gingiva queratinizada y paladar duro; saliva, lengua, amígdalas y garganta; placas subgingivales y supragingivales; y heces. Los filos predominantes fueron Firmicutes y Bacteroidetes, pero con variaciones significativas entre sitios. Se detectaron genes metabólicos compartidos en todos los hábitats, con diferencias en el transporte de azúcares y la producción de compuestos como hidrógeno y sulfuro de hidrógeno.</p>		<p>Pubmed</p>
<p>Pirosecuenciación del gen 16S ARNr</p>	<p>El análisis identificó especies clave como Streptococcus mitis, predominante en gingiva queratinizada y mucosa bucal, y Neisseria flavescens, con oligotipos exclusivos para diferentes sitios, como placa dental y lengua. También se detectaron especies patógenas, como Porphyromonas gingivalis en la placa subgingival y Haemophilus aegyptius en la garganta, incluso en individuos sanos. Los oligotipos revelaron diferencias funcionales y ecológicas entre especies cercanas, como variaciones en Fusobacterium y Campylobacter,</p>		<p>Pubmed</p>
<p>Pirosecuenciación del gen 16S ARNr</p>	<p>Se recopilaron secuencias del gen ARNr 16S en una base de datos basada en filogenia, la Base de Datos del Microbioma Oral Humano (HOMD), se identificaron 1.179 taxones, de los cuales el 24% fueron nombrados, el 8% fueron cultivados pero sin nombre, y el 68% eran filotipos no cultivados. Tras la validación, se agregarán 434 taxones nuevos y no únicos al HOMD. El número de taxones necesarios para representar el 90%, 95% o 99% de los clones examinados es de 259, 413 y 875, respectivamente.</p>		<p>Pubmed</p>
<p>qPCR 16S ARNr</p>	<p>Se recuperaron 1434 especies/genes de 41 géneros diferentes de 90 especies microbianas distintas. De los principales filos reportados, se detectaron Firmicutes (62,9%), Actinobacteria (14,0%), Bacteroidetes (12,1%), Proteobacteria (9,1%) y Fusobacteria (4,2%). De las especies bacterianas, el 54,6% eran anaerobias estrictas. Corynebacterium matruchotii (p = 0,039) estuvo presente significativamente más frecuentemente en la Periodontitisperiapical crónica. Además, los valores más altos del índice de dientes permanentes cariados, faltantes y obturados se correlacionaron positivamente con la abundancia relativa de Actinomyces spp. (p = 0,042).</p>		<p>Pubmed</p>

	<p>abundancia relativa de <i>Streptomyces</i> spp (p = 0,012), <i>Lactobacillus</i> spp (p = 0,006), <i>Propionibacterium</i> spp (p = 0,024) y <i>Rothia</i> spp (p = 0,002).</p>		
<p>PCR-RFLP para el gen 16S ARNr</p>	<p>se lograron identificar y distinguir un total de 59 especies bacterianas pertenecientes a 27 géneros presentes en la saliva humana. Especies relevantes como <i>Streptococcus mitis</i>, <i>Streptococcus oralis</i>, <i>Streptococcus sanguinis</i> y <i>Veillonella parvula</i> presentaron patrones específicos, lo que permitió su diferenciación. En algunos casos, como en <i>Streptococcus mitis</i>, se observaron múltiples patrones de RFLP, probablemente debido a variaciones intragenómicas del gen 16S rRNA. Asimismo, géneros como <i>Fusobacterium</i> y <i>Prevotella</i> exhibieron patrones similares entre especies relacionadas, como <i>Fusobacterium nucleatum</i> y <i>Fusobacterium periodonticum</i>.</p>		<p>Pubmed</p>
<p>Secuenciación Illumina del gen 16S ARNr</p>	<p>Los pacientes convalecientes de COVID-19 tratados con antibióticos presentaron una microbiota oral significativamente diferente en comparación con los convalecientes no tratados con antibióticos y los controles sanos. Los antibióticos disminuyeron la diversidad bacteriana y aumentaron los géneros proinflamatorios como <i>Prevotella</i>, <i>Veillonella</i>, <i>Capnocytophaga</i>, <i>Tannerella</i> y <i>Selenomonas</i>, mientras que disminuyeron géneros antiinflamatorios como <i>Akkermansia</i>. Además, estos pacientes tuvieron peor salud oral, reflejada en mayores índices de Caries y placa dental.</p>		<p>Pubmed</p>

<p>Secuenciación Illumina del gen 16S ARNr</p>	<p>La α-diversidad de la saliva no mostró diferencias significativas entre los pacientes control y los pacientes con CRS, mientras que la β-diversidad fue significativamente diferente ($p = 0,004$). Los índices taxonómicos demostraron que <i>Veillonella</i> dispar, <i>Rothia mucilaginosa</i> y <i>Porphyromonas endodontalis</i> estaban enriquecidos, mientras que <i>Campylobacter</i> y <i>Cardiobacterium</i> estaban reducidos en la saliva de los pacientes con SRC. Estos marcadores microbianos podrían distinguir significativamente a los pacientes con SRC de los controles ($AUC = 0,939$).</p>		<p>Pubmed</p>
<p>Secuenciación Illumina del gen 16S ARNr con LC-MS/MS para el metaboloma</p>	<p>Se identificó un estado de salud gingival subóptima (SoH) que surge 24-72 horas después de interrumpir la higiene oral, caracterizado por una disminución drástica de <i>Rothia</i> spp y del metabolito betaina, ambos asociados a gingivas saludables, y un aumento de bacterias patógenas como <i>Porphyromonas gingivalis</i>. Además, se observó una activación rápida de 11 citoquinas salivales, incluyendo IL-5 y MIP-1β. Este estado mostró similitudes taxonómicas y funcionales con microbiomas asociados a periodontitis, como la elevación de <i>Prevotella</i> y <i>Treponema</i>, estableciendo un vínculo microbiológico entre gingivitis y periodontitis</p>		<p>Pubmed</p>
<p>Secuenciación Illumina del gen 16S ARNr</p>	<p>La composición y diversidad microbiana oral fue significativamente diferente entre los tres grupos, y el grupo CRA tuvo la mayor diversidad. El análisis del potencial funcional de la microbiota oral demostró que la vía que involucra la motilidad celular estaba sobrerrepresentada en los grupos CRA y CRC en relación con la de los controles sanos. Además, se construyó un modelo de bosque aleatorio basado en marcadores microbianos orales, que podría distinguir los grupos de tumores colorrectales de los controles sanos y lograr un poderoso potencial de clasificación en las cohortes de descubrimiento y validación.</p>		<p>Pubmed</p>
	<p>El microbioma en la capa lingual se distinguió significativamente entre los pacientes con CL y los sujetos sanos mediante el análisis de componentes principales. Los perfiles microbianos de la capa lingual representaron 38 unidades taxonómicas operativas asignadas a 23 géneros</p>		

Secuenciación Illumina del gen 16S ARNr	diferentes, lo que distingue a los pacientes con CL. El tamaño del efecto (LEfSe) del análisis discriminante lineal (LDA) revela una disbiosis microbiana significativa de las capas linguales en pacientes con CL. Sorprendentemente, <i>Oribacterium</i> y <i>Fusobacterium</i> pudieron distinguir a los pacientes con LC de los sujetos sanos. Los resultados de LEfSe muestran funciones de genes microbianos relacionados con categorías de transporte de níquel/hierro, transporte de		Pubmed
Secuenciación metagenómica Shotgun Illumina	Los patógenos periodontales (<i>Tannerella forsythia</i> y <i>Porphyromonas gingivalis</i>) sobrerregularon diferentes receptores dependientes de TonB, peptidasas, proteasas, genes de aerotolerancia, genes de transporte de hierro, hemolisinas y genes asociados a CRISPR. Sorprendentemente, los organismos que no se han asociado habitualmente con la enfermedad (<i>Streptococcus oralis</i> , <i>Streptococcus mutans</i> , <i>Streptococcus intermedius</i> , <i>Streptococcus mitis</i> , <i>Veillonella parvula</i> y <i>Pseudomonas fluorescens</i>) fueron muy activos transcribiendo factores de virulencia putativos. Detectamos patrones de actividades asociadas con la progresión de los rasgos clínicos.		Pubmed
Secuenciación Illumina del gen 16S ARNr	Las biopelículas cariogénicas mostraron un aumento significativo de los filos Firmicutes ($p = 0,019$), debido al aumento significativo del género <i>Streptococcus</i> ($p = 0,010$), y <i>Fusobacter</i> ($p < 0,001$), por aumento de <i>Fusobacterium</i> ($p < 0,001$) y <i>Sphingomonas</i> ($p = 0,024$), mientras que sufrieron una disminución en <i>Actinobacteria</i> ($p < 0,001$). Como consecuencia del cambio en la composición de la microbiota, se detectaron cambios metabólicos extracelulares significativos, mostrando 59 metabolitos de los 120 identificados significativamente diferentes en términos de abundancia relativa entre las biopelículas cariogénicas/comensales (Tasa de cambio > 2 y FDR $< 0,05$).		Pubmed
Secuenciación Illumina con PCR para la creación de amplicones	El microbioma saludable tuvo una diversidad significativamente mayor (diversidad alfa, $p < 0,001$) y una dominancia menor (índice de Berger-Parker, $p < 0,001$). Estaba dominado por <i>Fusobacteria</i> . Un tamaño del efecto del análisis discriminante lineal (LEfSe) arrojó un conjunto de 39 OTU que eran más abundantes en muestras de dentina cariada, incluyendo <i>Atopobium</i> spp (14,9 log ₂ FoldChange) ,		Pubmed

	Lactobacillus casei (11,6) , Acinetobacter spp . (10,8) , Lactobacillus gasseri (10,6) , Parascardovia denticolens (10,5) , Olsenella profusa (10,4) y otros. También Propionibacterium acidifaciens (7,2) y Streptococcus mutans (5,2) fueron sobreabundantes en las lesiones deCaries.		
Secuenciación Illumina del gen 16S ARNr	Los análisis de la comunidad microbiana se realizaron en unidades taxonómicas operativas de radio cero (zOTU) obtenidas de V4 de secuencias de amplicón del gen del ARN ribosomal 16S. El microbioma oral de los niños se vio afectado por varios factores, incluido el uso de antibióticos, la demografía y los hábitos alimentarios de los niños y sus cuidadores. En todos los puntos temporales, varios factores de riesgo explicaron más la variación en el microbioma de la placa dental que en la saliva. A 1 año, la composición de la saliva del grupo C4 difería de la del grupo CFAT, mientras que a los 2,5 años, esta diferencia se observó solo en la placa. A los 4 años, las OTU salivares y de placa de los géneros		Pubmed
Hibridación in situ con fluorescencia (FISH)	Las comunidades microbianas en dientes conCaries presentan una organización altamente estructurada, con una arquitectura en forma de corona. Streptococcus mutans desempeña un papel clave en esta organización al producir un andamiaje extracelular que guía el posicionamiento de otros microorganismos bucales. Además, se desarrolló una metodología para cuantificar la estructura espacial de estas comunidades a escala micrométrica, identificando patrones precisos asociados con la aparición deCaries. Estos hallazgos resaltan la importancia de la organización microbiana en la progresión de la enfermedad y su potencial impacto en futuras estrategias de tratamiento.		Pubmed
Secuenciación del gen 16S del ARNr mediante metatranscriptómica (RNA-seq)	La mayoría de las especies asociadas a la Periodontitis rara vez se detectaron en personas sanas, pero se detectaron con frecuencia, aunque en baja abundancia, en la gingivitis, lo que sugiere que la gingivitis y la Periodontitis son un continuo.		Pubmed
Secuenciación metagenómica Illumina mediante shotgun de extremos emparejados	Se examinó la composición del microbioma oral de pacientes con gingivitis y sus controles. GG/IP (gingivitis generalizada/Periodontitis inicial) exhibió un aumento en la abundancia de Actinomyces, Porphyromonas, Aggregatibacter, Corynebacterium, Olsenella y Treponema , mientras que H/LG (gingivitis sana y localizada) exhibió una		Pubmed

<p>Secuenciación Illumina del gen 16S ARNr</p>	<p>Este estudio piloto reveló diferencias significativas en la composición del microbioma subgingival entre individuos sanos y pacientes con Periodontitis crónica (ChP) o agresiva (AgP). Se identificó un aumento de <i>Acholeplasma</i>, <i>Fretibacterium</i>, <i>Porphyromonas</i>, <i>Peptococcus</i> y <i>Treponema_2</i> con la profundización de las bolsas en ChP, mientras que en AgP, <i>Corynebacterium</i> y <i>Klebsiella</i> se asociaron positivamente con la profundidad de sondaje. Además, la variabilidad del microbioma entre diferentes sitios dentro de un mismo paciente fue menor que entre pacientes con igual profundidad de bolsas. Estos hallazgos destacan la relación dinámica entre la progresión de la Periodontitis y la composición bacteriana subgingival.</p>		<p>Pubmed</p>
<p>qPCR 16S ARNr</p>	<p>Mujeres embarazadas de 3 meses con periodonto intacto presentaban una microbiota interdental con altos niveles de bacterias periodontopatógenas, principalmente <i>Fusobacterium nucleatum</i>, <i>Treponema denticola</i>, <i>Tannerella forsythia</i>, <i>Porphyromonas gingivalis</i> y <i>Campylobacter rectus</i>. Se observó una fuerte correlación entre la presencia de estas bacterias y el sangrado interdental.</p>		<p>Pubmed</p>
<p>Secuenciación Illumina del gen 16S ARNr</p>	<p>Pacientes con carcinoma oral de células escamosas (OSCC) presentan una alteración significativa en su microbiota oral, caracterizada por un aumento de <i>Fusobacterium nucleatum CTI-2</i>, <i>Peptostreptococcus</i>, <i>Campylobacter concisus</i>, <i>Prevotella</i> y <i>Capnocytophaga</i>, y una disminución de <i>Streptococcus pneumoniae</i> en las lesiones tumorales.</p>		<p>Pubmed</p>
<p>Secuenciación Illumina del gen 16S ARNr</p>	<p>Las personas con Periodontitis presentan una menor diversidad en su microbiota intestinal, con un aumento en la proporción de Firmicutes/Bacteroidetes y mayor presencia de bacterias orales en el intestino. Se identificaron <i>Prevotella</i> spp, <i>Porphyromonas endodontalis</i>, <i>Selenomonas noxia</i>, <i>Tannerella</i> spp y <i>Ruminococcus</i> como microorganismos clave asociados con la inflamación periodontal y la destrucción del</p>		<p>Pubmed</p>

	tejido.		
qPCR con citometría de flujo y ELISA	<i>Porphyromonas gingivalis</i> puede invadir células dendríticas mieloides (mDCs) en la sangre, alterando su perfil de migración al aumentar la expresión de CXCR4 y disminuir CCR7, lo que impide su homing a órganos linfoides y favorece su migración a sitios inflamatorios y vasculares.		Pubmed

<p>Secuenciación Illumina del gen 16S ARNr</p>	<p>Los pacientes con cáncer colorrectal (CRC) tenían una mayor abundancia de <i>Peptostreptococcus stomatis</i>, <i>Streptococcus anginosus</i>, <i>Streptococcus koreensis</i> y <i>Solobacterium moorei</i> en su microbiota oral e intestinal en comparación con individuos sanos. Además, <i>Solobacterium moorei</i> fue significativamente más prevalente en pacientes con estadios avanzados de CRC (III-IV), lo que sugiere un posible papel en la progresión de la enfermedad.</p>		<p>Pubmed</p>
<p>Secuenciación Illumina del gen 16S ARNr</p>	<p>Pacientes con carcinoma escamocelular de cabeza y cuello (HNSCC) presentan una microbiota oral alterada, con un aumento significativo de <i>Lactobacillus johnsonii/gasseri</i>, <i>L. fermentum</i>, <i>L. rhamnosus</i> y <i>L. vaginalis</i>, y una reducción de <i>Neisseria subflava</i>, sugiriendo un posible papel protector de esta última.</p>		<p>Pubmed</p>
<p>Secuenciación Illumina del gen 16S ARNr</p>	<p>Una mayor diversidad del microbioma oral se asocia con un menor riesgo de cáncer de pulmón. Sin embargo, la abundancia de ciertas bacterias como <i>Abiotrophia</i>, <i>Lactobacillus</i> y <i>Streptococcus</i> se relacionó con un mayor riesgo, mientras que la presencia de <i>Peptostreptococcus</i>, <i>Eubacterium yurii</i> y <i>Aggregatibacter</i> se asoció con un menor riesgo.</p>		<p>Pubmed</p>
<p>Secuenciación Illumina del gen 16S ARNr</p>	<p>Los pacientes con artritis reumatoide presentan una microbiota subgingival alterada, con un aumento significativo de bacterias periodontopatógenas como <i>Prevotella spp</i>, <i>Selenomonas noxia</i> y <i>Parvimonas micra</i>, las cuales se correlacionaron con mayores niveles de inflamación sistémica. Además, la disbiosis oral en estos pacientes estuvo asociada con un mayor número de articulaciones inflamadas y mayor severidad de la enfermedad.</p>		<p>Pubmed</p>

<p>Secuenciación metagenómica Shotgun Illumina</p>	<p>La microbiota subgingival en pacientes con Periodontitisy/o diabetes tipo 2 presenta una disbiosis caracterizada por la presencia aumentada de bacterias como Porphyromonas gingivalis, Campylobacter rectus y Prevotella intermedia, asociadas con inflamación crónica.</p>		<p>Pubmed</p>
<p>Secuenciación Illumina del gen 16S ARNr</p>	<p>La microbiota oral e intestinal de pacientes con T2DM presenta disbiosis significativa. Se identificaron <i>Streptococcus</i>, <i>Actinomyces</i> y <i>Rothia</i> como biomarcadores en la microbiota oral, mientras que <i>Blautia</i> destacó en la intestinal. Además, se observó una mayor ectopía de bacterias orales en el intestino de los pacientes con diabetes (2.36%), lo que sugiere una posible conexión entre ambas microbiotas en la progresión de la enfermedad.</p>		<p>Pubmed</p>
<p>Secuenciación Illumina del gen 16S ARNr con hibridación ADN- ADN</p>	<p>La colonización subgingival por <i>Tannerella forsythia</i> se asoció con una reducción en el volumen del córtex entorrinal, mientras que <i>Fusobacterium nucleatum</i> mostró una relación con un mayor riesgo de microhemorragias e infartos cerebrales. Además, niveles elevados de anticuerpos IgG contra <i>Porphyromonas gingivalis</i> y <i>Prevotella intermedia</i> se correlacionaron con un mayor volumen del hipocampo y el córtex entorrinal, sugiriendo una respuesta inmune diferencial.</p>		<p>Pubmed</p>
<p>Secuenciación Illumina del gen 16S ARNr</p>	<p>La microbiota subgingival de pacientes con Periodontitisy Alzheimer (AD) es más compleja y tiene una mayor abundancia de bacterias anaerobias como <i>Atopobium rimae</i>, <i>Dialister pneumosintes</i>, <i>Olsenella</i> sp. HMT 807,</p>		<p>Pubmed</p>

	Saccharibacteria (TM7) sp. HMT 348 y varias especies de Prevotella.		
Secuenciación Illumina del gen 16S ARNr	La microbiota oral de pacientes con Caries rampante presentaba un aumento significativo de Veillonella, Streptococcus y Prevotella, mientras que Neisseria y Haemophilus estaban reducidas. Se identificaron diferencias entre pacientes con Caries rampante asociada al síndrome de Sjögren y aquellos con una dieta alta en azúcar, con alteraciones en el metabolismo de carbohidratos y la función inmunológica de la microbiota.		Pubmed
Secuenciación metagenómica Shotgun Illumina	Existen diferencias significativas en la microbiota oral de pacientes con carcinoma escamocelular de la cavidad oral (OC-SCC) en comparación con controles. Se observó una sobreabundancia de <i>Fusobacterium nucleatum</i> y <i>Porphyromonas sp.</i> , bacterias asociadas con inflamación y carcinogénesis, mientras que especies como <i>Streptococcus salivarius</i> , <i>Cryptobacterium curtum</i> y <i>Selenomonas noxia</i> estuvieron reducidas.		Pubmed
Metagenómica Illumina del 16S ARNr	El microbioma oral de pacientes con enfermedad arterial coronaria (CAD) y Caries dental (DC) era similar en composición, aunque con diferencias en la proporción de algunos géneros. Los filos más abundantes fueron Firmicutes, Proteobacteria, Fusobacteria, Bacteroidetes y Actinobacteria. Streptococcus fue el género predominante en ambos grupos, mientras que Leptotrichia, Capnocytophaga y Prevotella fueron más abundantes en el paciente con Caries.		Pubmed

qPCR 16S ARNr	<p>Se presenta un aumento de bacterias aeróbicas y facultativamente anaeróbicas en la mucosa intestinal de niños con enfermedad inflamatoria intestinal (EII), especialmente <i>Escherichia coli</i> y <i>Klebsiella spp</i>, mientras que especies beneficiosas como <i>Bacteroides vulgatus</i> estaban reducidas. Además, <i>Prevotella spp</i> fue más abundante en la mucosa rectal de pacientes con colitis ulcerativa.</p>		Pubmed
PCR multiplex	<p>El estudio encontró que niños y adolescentes con diabetes tipo 1 presentan una microbiota oral alterada, con alta prevalencia de <i>Streptococcus mutans</i> y <i>Veillonella spp</i>, asociadas con Caries y peor control glucémico. Además, bacterias periodontopatógenas como <i>Aggregatibacter actinomycetemcomitans</i> y el “complejo rojo” (<i>Porphyromonas gingivalis</i>, <i>Tannerella forsythia</i>, <i>Treponema denticola</i>) fueron frecuentes, aumentando el riesgo de periodontitis.</p>		Pubmed
Secuenciación Illumina del gen 16S ARNr	<p>El perfil de la microbiota oral difiere significativamente entre pacientes con cáncer colorrectal y controles sanos, con una disminución de OTUs específicas en los pacientes con CRC. Se identificaron dos grupos de coabundancia bacteriana: uno de patógenos orales (incluyendo <i>Fusobacterium nucleatum</i>, <i>Parvimonas micra</i>, <i>Peptostreptococcus stomatis</i> y <i>Dialister pneumosintes</i>) y otro de bacterias asociadas a biopelículas saludables</p>		Pubmed

<p>Siembra de cultivos, Vitek 2 y Secuenciación del gen 16S ARNr</p>	<p>La Periodontitis aumenta significativamente el riesgo de bacteriemia, especialmente con estreptococos del grupo viridans (VGS), como Streptococcus mitis, S. oralis y S. sanguinis. Estas bacterias, presentes en la placa subgingival, fueron también las más comúnmente aisladas en sangre tras extracciones dentales y en pacientes con endocarditis infecciosa. Además, se observó una alta similitud entre las cepas orales y sanguíneas en cuanto a su identidad microbiana y perfiles de resistencia</p>		<p>Pubmed</p>
--	--	--	---------------

Cita

Deng, Z., Szafranski, S. P., Jarek, M., Bhujra, S., & Wagner-Döbler, I. (2017). Dysbiosis in chronic periodontitis: Key microbial players and interactions with the human host. *Scientific Reports*, 7(1). <https://doi.org/10.1038/s41598-017-03804-8>

Khalid, M., Hassani, D., Bilal, M., Butt, Z. A., Hamayun, M., Ahmad, A., Huang, D., & Hussain, A. (2017). Identification of oral cavity biofilm forming bacteria and determination of their growth inhibition by *Acacia arabica*, *Tamarix aphylla* L. and *Melia azedarach* L. medicinal plants. *Archives Of Oral Biology*, 81, 175-185. <https://doi.org/10.1016/j.archoralbio.2017.05.011>

[Anderson, A. C., Von Ohle, C., Frese, C., Boutin, S., Bridson, C., Schoilew, K., Peikert, S. A., Hellwig, E., Pelz, K., Wittmer, A., Wolff, D., & Al-Ahmad, A. \(2023\). The oral microbiota is a reservoir for antimicrobial resistance: resistome and phenotypic resistance characteristics of oral biofilm in health, Caries, and periodontitis. *Annals Of Clinical Microbiology And Antimicrobials*, 22\(1\). <https://doi.org/10.1186/s12941-023-00585-z>](#)

Chen, W., Chang, S., Tang, C., Liou, M., Tsai, S. J., & Lin, Y. (2018). Composition Analysis and Feature Selection of the Oral Microbiota Associated with Periodontal Disease. *BioMed Research International*, 2018, 1-14. <https://doi.org/10.1155/2018/3130607>

Su, S., Qi, T., Wang, W., Salama, E., & Li, Y. (2023). Investigation of the oral microbiome of children associated with dental Caries: A systematic study. Archives Of Oral Biology, 154, 105776. <https://doi.org/10.1016/j.archoralbio.2023.105776>

Huang, S., Yang, F., Zeng, X., Chen, J., Li, R., Wen, T., Li, C., Wei, W., Liu, J., Chen, L., Davis, C., & Xu, J. (2011). Preliminary characterization of the oral microbiota of Chinese adults with and without gingivitis. BMC Oral Health, 11(1). <https://doi.org/10.1186/1472-6831-11-33>

Xi, R., Wang, R., Wang, Y., Xiang, Z., Su, Z., Cao, Z., Xu, X., Zheng, X., & Li, J. (2019). Comparative analysis of the oral microbiota between iron-deficiency anaemia (IDA) patients and healthy individuals by high-throughput sequencing. BMC Oral Health, 19(1). <https://doi.org/10.1186/s12903-019-0947-6>

Matsha, T., Prince, Y., Davids, S., Chikte, U., Erasmus, R., Kengne, A., & Davison, G. (2020). Oral Microbiome Signatures in Diabetes Mellitus and Periodontal Disease. Journal Of Dental Research, 99(6), 658-665. <https://doi.org/10.1177/0022034520913818>

Tanaka, Y., Yamashita, R., Kawashima, J., Mori, H., Kurokawa, K., Fukuda, S., Gotoh, Y., Nakamura, K., Hayashi, T., Kasahara, Y., Sato, Y., & Fukudo, S. (2022). Omics profiles of fecal and oral microbiota change in irritable bowel

syndrome patients with diarrhea and symptom exacerbation. *Journal Of Gastroenterology*, 57(10), 748-760. <https://doi.org/10.1007/s00535-022-01888-2>

Mason, M. R., Preshaw, P. M., Nagaraja, H. N., Dabdoub, S. M., Rahman, A., & Kumar, P. S. (2014). The subgingival microbiome of clinically healthy current and never smokers. *The ISME Journal*, 9(1), 268-272.
<https://doi.org/10.1038/ismej.2014.114>

Yadav, S., Tripathi, V., & Saran, V. (2023). Identification of habit specific bacteria in human saliva through Next-Generation Sequencing. *Forensic Science International*, 353, 111871. <https://doi.org/10.1016/j.forsciint.2023.111871>

Li, H., Wang, J., Wu, L., Luo, J., Liang, X., Xiao, B., & Zhu, Y. (2018). The impacts of delivery mode on infant's oral microflora. *Scientific Reports*, 8(1). <https://doi.org/10.1038/s41598-018-30397-7>

Oba, P. M., Holscher, H. D., Mathai, R. A., Kim, J., & Swanson, K. S. (2020). Diet Influences the Oral Microbiota of Infants during the First Six Months of Life. *Nutrients*, 12(11), 3400. <https://doi.org/10.3390/nu12113400>

Chen, X., Daliri, E. B., Chelliah, R., & Oh, D. (2020). Isolation and Identification of Potentially Pathogenic Microorganisms Associated with Dental Caries in Human Teeth Biofilms. *Microorganisms*, 8(10), 1596. <https://doi.org/10.3390/microorganisms8101596>

Segata, N., Haake, S., Mannon, P., Lemon, K. P., Waldron, L., Gevers, D., Huttenhower, C., & Izard, J. (2012). Composition of the adult digestive tract bacterial microbiome based on seven mouth surfaces, tonsils, throat and stool samples. *Genome Biology*, 13(6), R42. <https://doi.org/10.1186/gb-2012-13-6-r42>

Eren, A. M., Borisy, G. G., Huse, S. M., & Welch, J. L. M. (2014). Oligotyping analysis of the human oral microbiome. *Proceedings Of The National Academy Of Sciences*, 111(28). <https://doi.org/10.1073/pnas.1409644111>

Dewhirst, F. E., Chen, T., Izard, J., Paster, B. J., Tanner, A. C. R., Yu, W., Lakshmanan, A., & Wade, W. G. (2010). The human oral microbiome. *Journal Of Bacteriology*, 192(19), 5002-5017. <https://doi.org/10.1128/jb.00542-10>

Korona-Glowniak, I., Piatek, D., Fornal, E., Lukowiak, A., Gerasymchuk, Y., Kedziora, A., Bugla-Płoskonska, G., Grywalska, E., Bachanek, T., & Malm, A. (2021). Patterns of Oral Microbiota in Patients with Apical Periodontitis. *Journal Of Clinical Medicine*, 10(12), 2707. <https://doi.org/10.3390/jcm10122707>

Sano, H., Wakui, A., Kawachi, M., Washio, J., Abiko, Y., Mayanagi, G., Yamaki, K., Tanaka, K., Takahashi, N., & Sato, T. (2021). Profiling system of oral microbiota utilizing polymerase chain reaction-restriction fragment length polymorphism analysis. *Journal Of Oral Biosciences*, 63(3), 292-297.
<https://doi.org/10.1016/j.job.2021.05.003>

Brzywczy-Sroka, B., Talaga-Ćwiertnia, K., Sroka-Oleksiak, A., Gurgul, A., Zarzecka-Francica, E., Ostrowski, W., Kąkol, J., Zarzecka, J., & Brzywczy-Włoch, M. (2023). Oral microbiota study of the patients after hospitalisation for COVID-19, considering selected dental indices and antibiotic therapy using the next generation sequencing method (NGS). *Journal Of Oral Microbiology*, 15(1).
<https://doi.org/10.1080/20002297.2023.2264591>

Yuan, B., Yeh, Y., Lin, C., Huang, C., Liu, H., & Chiang, C. (2020). Clinical Detection of Chronic Rhinosinusitis through Next-Generation Sequencing of the Oral Microbiota. *Microorganisms*, 8(6), 959.
<https://doi.org/10.3390/microorganisms8060959>

Huang, S., He, T., Yue, F., Xu, X., Wang, L., Zhu, P., Teng, F., Sun, Z., Liu, X., Jing, G., Su, X., Jin, L., Liu, J., & Xu, J. (2021). Longitudinal Multi-omics and Microbiome Meta-analysis Identify an Asymptomatic Gingival State That Links Gingivitis, Periodontitis, and Aging. *mBio*, 12(2).
<https://doi.org/10.1128/mbio.03281-20>

Zhang, S., Kong, C., Yang, Y., Cai, S., Li, X., Cai, G., & Ma, Y. (2020). Human oral microbiome dysbiosis as a novel non-invasive biomarker in detection of colorectal cancer. *Theranostics*, 10(25), 11595-11606.
<https://doi.org/10.7150/thno.49515>

Lu, H., Ren, Z., Li, A., Zhang, H., Jiang, J., Xu, S., Luo, Q., Zhou, K., Sun, X.,

Zheng, S., & Li, L. (2016). Deep sequencing reveals microbiota dysbiosis of tongue coat in patients with liver carcinoma. *Scientific Reports*, 6(1).
<https://doi.org/10.1038/srep33142>

Yost, S., Duran-Pinedo, A. E., Teles, R., Krishnan, K., & Frias-Lopez, J. (2015). Functional signatures of oral dysbiosis during Periodontitis progression revealed by microbial metatranscriptome analysis. *Genome Medicine*, 7(1).
<https://doi.org/10.1186/s13073-015-0153-3>

Sánchez, M. C., Velapatiño, A., Llama-Palacios, A., Valdés, A., Cifuentes, A., Ciudad, M. J., & Collado, L. (2022). Metataxonomic and metabolomic evidence of biofilm homeostasis disruption related to Caries: An in vitro study. *Molecular Oral Microbiology*, 37(2), 81-96. <https://doi.org/10.1111/omi.12363>

Wolff, D., Frese, C., Schoilew, K., Dalpke, A., Wolff, B., & Boutin, S. (2019). Amplicon-based microbiome study highlights the loss of diversity and the establishment of a set of species in patients with dentin Caries. *PLoS ONE*, 14(7),
<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0219511>

e0219714. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0219714>

Kahharova, D., Pappalardo, V., Buijs, M., De Menezes, R., Peters, M., Jackson, R., Hara, A., Eckert, G., Katz, B., Keels, M., Levy, S., Zaura, E., Brandt, B., & Fontana, M. (2023). Microbial Indicators of Dental Health, Dysbiosis, and Early Childhood Caries. *Journal Of Dental Research*, 102(7), 759-766. <https://doi.org/10.1177/00220345231160756>

Kim, D., Barraza, J. P., Arthur, R. A., Hara, A., Lewis, K., Liu, Y., Scisci, E. L., Hajishengallis, E., Whiteley, M., & Koo, H. (2020). Spatial mapping of polymicrobial communities reveals a precise biogeography associated with human dental caries. *Proceedings Of The National Academy Of Sciences*, 117(22), 12375-12386. <https://doi.org/10.1073/pnas.1919099117>

Abusleme, L., Hoare, A., Hong, B., & Diaz, P. I. (2021). Microbial signatures of health, gingivitis, and periodontitis. *Periodontology 2000*, 86(1), 57-78. <https://doi.org/10.1111/prd.12362>

Manzoor, M., Leskelä, J., Pietiäinen, M., Martinez-Majander, N., Könönen, E., Niiranen, T., Lahti, L., Sinisalo, J., Putaala, J., Pussinen, P. J., & Paju, S. (2024). Shotgun metagenomic analysis of the oral microbiome in gingivitis: a nested case-control study. *Journal Of Oral Microbiology*, 16(1). <https://doi.org/10.1080/20002297.2024.2330867>

Shi, M., Wei, Y., Hu, W., Nie, Y., Wu, X., & Lu, R. (2018). The Subgingival Microbiome of Periodontal Pockets With Different Probing Depths in Chronic and Aggressive Periodontitis: A Pilot Study. *Frontiers In Cellular And Infection Microbiology*, 8. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2018.00124>

Carrouel, F., Kanoute, A., Lvovschi, V., & Bourgeois, D. (2023). Periodontal pathogens of the interdental microbiota in a 3 months pregnant population with an intact periodontium. *Frontiers In Microbiology*, 14. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1275180>

Su, S., Chang, L., Huang, H., Peng, C., Chuang, C., Chen, Y., Lu, M., Chiu, Y., Chen, P., & Yang, S. (2020). Oral microbial dysbiosis and its performance in predicting oral cancer. *Carcinogenesis*, 42(1), 127-135. <https://doi.org/10.1093/carcin/bgaa062>

Lourenço, T. G. B., Spencer, S. J., Alm, E. J., & Colombo, A. P. V. (2018). Defining the gut microbiota in individuals with periodontal diseases: an exploratory study. *Journal Of Oral Microbiology*, 10(1), 1487741. <https://doi.org/10.1080/20002297.2018.1487741>

Miles, B., Zakhary, I., El-Awady, A., Scisci, E., Carrion, J., O'Neill, J. C., Rawlings, A., Stern, J. K., Susin, C., & Cutler, C. W. (2013). Secondary Lymphoid Organ Homing Phenotype of Human Myeloid Dendritic Cells Disrupted by an Intracellular Oral Pathogen. *Infection And Immunity*, 82(1), 101-111.
<https://doi.org/10.1128/iai.01157-13>

Uchino, Y., Goto, Y., Konishi, Y., Tanabe, K., Toda, H., Wada, M., Kita, Y., Beppu, M., Mori, S., Hijioka, H., Otsuka, T., Natsugoe, S., Hara, E., & Sugiura, T. (2021). Colorectal Cancer Patients Have Four Specific Bacterial Species in Oral and Gut Microbiota in Common—A Metagenomic Comparison with Healthy Subjects. *Cancers*, 13(13), 3332. <https://doi.org/10.3390/cancers13133332>

Frank, D. N., Qiu, Y., Cao, Y., Zhang, S., Lu, L., Kofonow, J. M., Robertson, C. E., Liu, Y., Wang, H., Levens, C. L., Kuhn, K. A., Song, J., Ramakrishnan, V. R., & Lu, S. (2022). A dysbiotic microbiome promotes head and neck squamous cell carcinoma. *Oncogene*, 41(9), 1269-1280. <https://doi.org/10.1038/s41388-021-02137-1>

Vogtmann, E., Hua, X., Yu, G., Purandare, V., Hullings, A. G., Shao, D., Wan, Y., Li, S., Dagnall, C. L., Jones, K., Hicks, B. D., Hutchinson, A., Caporaso, J. G., Wheeler, W., Sandler, D. P., Beane Freeman, L. E., Liao, L. M., Huang, W.-Y., Freedman, N. D., Caporaso, N. E., Sinha, R., Gail, M. H., Shi, J., & Abnet, C. C. (2022). The oral microbiome and lung cancer risk: An analysis of 3 prospective cohort studies. *JNCI: Journal of the National Cancer Institute*, 114(11), 1501–1510. <https://doi.org/10.1093/jnci/djac149>

Corrêa, J. D., Fernandes, G. R., Calderaro, D. C., Mendonça, S. M. S., Silva, J. M., Albiero, M. L., Cunha, F. Q., Xiao, E., Ferreira, G. A., Teixeira, A. L., Mukherjee, C., Leys, E. J., Silva, T. A., & Graves, D. T. (2019). Oral microbial dysbiosis linked to worsened periodontal condition in rheumatoid arthritis patients. *Scientific Reports*, 9(1). <https://doi.org/10.1038/s41598-019-44674-6>

Favale, N., Farina, R., Carrieri, A., Simonelli, A., Severi, M., Sabbioni, S., Trombelli, L., & Scapoli, C. (2023). Functional profile of oral plaque microbiome: Further insight into the bidirectional relationship between type 2 diabetes and periodontitis. *Molecular Oral Microbiology*, 39(2), 62-79. <https://doi.org/10.1111/omi.12418>

Guo, X., Dai, S., Lou, J., Ma, X., Hu, X., Tu, L., Cui, J., Lu, H., Jiang, T., & Xu, J. (2023). Distribution characteristics of oral microbiota and its relationship with intestinal microbiota in patients with type 2 diabetes mellitus. *Frontiers In Endocrinology*, 14. <https://doi.org/10.3389/fendo.2023.1119201>

Rubinstein, T., Brickman, A. M., Cheng, B., Burkett, S., Park, H., Annavajhala, M. K., Uhlemann, A., Andrews, H., Gutierrez, J., Paster, B. J., Noble, J. M., & Papapanou, P. N. (2024). Periodontitis and brain magnetic resonance imaging markers of Alzheimer's disease and cognitive aging. *Alzheimer S & Dementia*, 20(3), 2191-2208. <https://doi.org/10.1002/alz.13683>

Na, H. S., Jung, N., Song, Y., Kim, S. Y., Kim, H., Lee, J. Y., & Chung, J. (2023). A distinctive subgingival microbiome in patients with Periodontitis and Alzheimer's disease compared with cognitively unimpaired Periodontitis patients. *Journal Of*

Clinical Periodontology, 51(1), 43-53. <https://doi.org/10.1111/jcpe.13880>

Tang, Y., Nie, H., Zhang, Y., Wei, Y., Huang, Y., Zhuang, Y., Yang, W., & Zhu, Y. (2024). Effects of Sjogren's syndrome and high sugar diet on oral microbiome in patients with rampant Caries: a clinical study. *BMC Oral Health*, 24(1). <https://doi.org/10.1186/s12903-024-04150-8>

Ganly, I., Hao, Y., Rosenthal, M., Wang, H., Migliacci, J., Huang, B., Katabi, N., Brown, S., Tang, Y., Pei, Z., & Yang, L. (2022). Oral Microbiome in Nonsmoker Patients with Oral Cavity Squamous Cell Carcinoma, Defined by Metagenomic Shotgun Sequencing. *Cancers*, 14(24), 6096. <https://doi.org/10.3390/cancers14246096>

Menon, T., Gopalakrishnan, S. N., Balasubramanian, R., & Justin, S. R. (2017). Characterisation of the Human Oral Microbiome in Patients with Coronary Artery Disease Using Next-generation Sequencing of 16S rRNA Amplicons. *Indian Journal Of Medical Microbiology*, 35(1), 101-104. https://doi.org/10.4103/ijmm.ijmm_16_370

Conte, M. P., Schippa, S., Zamboni, I., Penta, M., Chiarini, F., Seganti, L., Osborn, J., Falconieri, P., Borrelli, O., & Cucchiara, S. (2006). Gut-associated bacterial microbiota in paediatric patients with inflammatory bowel disease. *Gut*, 55(12), 1760-1767. <https://doi.org/10.1136/gut.2005.078824>

Carelli, M., Maguolo, A., Zusi, C., Olivieri, F., Emiliani, F., De Grandi, G., Unali, I., Zerman, N., Signoretto, C., & Maffeis, C. (2023). Oral Microbiota in Children and Adolescents with Type 1 Diabetes Mellitus: Novel Insights into the Pathogenesis of Dental and Periodontal Disease. *Microorganisms*, 11(3), 668. <https://doi.org/10.3390/microorganisms11030668>

Flemer, B., Warren, R. D., Barrett, M. P., Cisek, K., Das, A., Jeffery, I. B., Hurley, E., O'Riordain, M., Shanahan, F., & O'Toole, P. W. (2017). The oral microbiota in colorectal cancer is distinctive and predictive. *Gut*, 67(8), 1454-1463. <https://doi.org/10.1136/gutjnl-2017-314814>

Dhotre, S., Jahagirdar, V., Suryawanshi, N., Davane, M., Patil, R., & Nagoba, B.
(2017). Assessment of Periodontitis and its role in viridans streptococcal bacteremia
and infective endocarditis. *Indian Heart Journal*, 70(2), 225-232.
<https://doi.org/10.1016/j.ihj.2017.06.019>

Fecha	Autores	Título	Doi	Observaciones	Base de datos	Cita
2020	Tuominen, H., & Rautava, J.	Oral Microbiota and Cancer Development.	https://doi.org/10.1159/000510979		Pubmed	Tuominen, H., & Rautava, J. (2020). Oral Microbiota and Cancer Development. <i>Pathobiology</i> , 88(2), 116-126. https://doi.org/10.1159/000510979
2010	Pérez-Salcedo, L., & Martínez, A. B.	Tumores benignos de la mucosa oral.	https://doi.org/10.4321/s0213-12852010000100002		Scielo	Pérez-Salcedo, L., & Martínez, A. B. (2010). Tumores benignos de la mucosa oral. <i>Avances En Odontostomatología</i> , 26(1). https://doi.org/10.4321/s0213-12852010000100002
2017	Del Campo-Moreno, R., Alarcón-Cavero, T., D'Auria, G., Delgado-Palacio, S., & Ferrer-Martínez, M.	Microbiota en la salud humana: técnicas de caracterización y transferencia.	https://doi.org/10.1016/j.eimc.2017.02.007		Pubmed	Del Campo-Moreno, R., Alarcón-Cavero, T., D'Auria, G., Delgado-Palacio, S., & Ferrer-Martínez, M. (2017). Microbiota en la salud humana: técnicas de caracterización y transferencia. <i>Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica</i> , 36(4), 241-245. https://doi.org/10.1016/j.eimc.2017.02.007
2018	Gao, L., Xu, T., Huang, G., Jiang, S., Gu, Y., & Chen, F.	Oral microbiomes: more and more importance in oral cavity and whole body.	https://doi.org/10.1007/s13238-018-0548-1		Pubmed	Gao, L., Xu, T., Huang, G., Jiang, S., Gu, Y., & Chen, F. (2018). Oral microbiomes: more and more importance in oral cavity and whole body. <i>Protein & Cell</i> , 9(5), 488-500. https://doi.org/10.1007/s13238-018-0548-1
2022	Tuganbaev, T., Yoshida, K., & Honda, K.	The effects of oral microbiota on health.	https://doi.org/10.1126/science.abn1890		Pubmed	Tuganbaev, T., Yoshida, K., & Honda, K. (2022). The effects of oral microbiota on health. <i>Science</i> , 376(6596), 934-936. https://doi.org/10.1126/science.abn1890
2020	Karygianni, L., Ren, Z., Koo, H., & Thurnheer, T.	Biofilm Matrixome: Extracellular Components in Structured Microbial Communities.	https://doi.org/10.1016/j.tim.2020.03.016		Pubmed	Karygianni, L., Ren, Z., Koo, H., & Thurnheer, T. (2020). Biofilm Matrixome: Extracellular Components in Structured Microbial Communities. <i>Trends In Microbiology</i> , 28(8), 668-681. https://doi.org/10.1016/j.tim.2020.03.016
2014	Gilbert, J. A., & Neufeld, J. D.	.Life in a World without Microbes.	https://doi.org/10.1371/journal.pbio.1002020		Pubmed	Gilbert, J. A., & Neufeld, J. D. (2014). Life in a World without Microbes. <i>PLoS Biology</i> , 12(12), e1002020. https://doi.org/10.1371/journal.pbio.1002020
2017	Wang, B., Yao, M., Lv, L., Ling, Z., & Li, L.	The Human Microbiota in Health and Disease.	https://doi.org/10.1016/j.eng.2017.01.008		Pubmed	Wang, B., Yao, M., Lv, L., Ling, Z., & Li, L. (2017). The Human Microbiota in Health and Disease. <i>Engineering</i> , 3(1), 71-82. https://doi.org/10.1016/j.eng.2017.01.008
2015	Takahashi, N.	Oral microbiome metabolism	https://doi.org/10.1177/0022034515606045		Pubmed	Takahashi, N. (2015). Oral microbiome metabolism. <i>Journal Of Dental Research</i> , 94(12), 1628-1637. https://doi.org/10.1177/0022034515606045
2020	Chen, X., Daliri, E. B., Chelliah, R., & Oh, D.	Isolation and Identification of Potentially Pathogenic Microorganisms Associated with Dental Caries in Human Teeth Biofilms.	https://doi.org/10.3390/microorganisms8101596		Pubmed	Chen, X., Daliri, E. B., Chelliah, R., & Oh, D. (2020). Isolation and Identification of Potentially Pathogenic Microorganisms Associated with Dental Caries in Human Teeth Biofilms. <i>Microorganisms</i> , 8(10), 1596. https://doi.org/10.3390/microorganisms8101596
2017	Deng, Z., Szafranski, S. P., Jarek, M., Bhujju, S., & Wagner-Döbler, I.	.Dysbiosis in chronic periodontitis: Key microbial players and interactions with the human host.	https://doi.org/10.1038/s41598-017-03804-8		Pubmed	Deng, Z., Szafranski, S. P., Jarek, M., Bhujju, S., & Wagner-Döbler, I. (2017). Dysbiosis in chronic periodontitis: Key microbial players and interactions with the human host. <i>Scientific Reports</i> , 7(1). https://doi.org/10.1038/s41598-017-03804-8

2019	Kumar, M., Singh, P., Murugesan, S., Vetizou, M., McCulloch, J., Badger, J. H., Trinchieri, G., & Khodor, S. A.	Microbiome as an Immunological Modifier.	https://doi.org/10.1007/978-1-4939-9773-2_27		Pubmed	Kumar, M., Singh, P., Murugesan, S., Vetizou, M., McCulloch, J., Badger, J. H., Trinchieri, G., & Khodor, S. A. (2019). Microbiome as an Immunological Modifier. <i>Methods In Molecular Biology</i> , 595-638. https://doi.org/10.1007/978-1-4939-9773-2_27
2014	Cintrón, M., Hauser, J., Otto, C., Persing, D., & Tang, Y.	Diagnostic Microbiology.	https://doi.org/10.1016/b978-0-12-801238-3.02392-8		science direct	Cintrón, M., Hauser, J., Otto, C., Persing, D., & Tang, Y. (2014). Diagnostic Microbiology. <i>En Elsevier eBooks</i> . https://doi.org/10.1016/b978-0-12-801238-3.02392-8
2022	Siqueira, J. F., & Rôças, I. N.	The Oral Microbiota in Health and Disease: An Overview of Molecular Findings.	https://doi.org/10.1007/978-1-0716-2780-8_5		Pubmed	Siqueira, J. F., & Rôças, I. N. (2022). The Oral Microbiota in Health and Disease: An Overview of Molecular Findings. <i>Methods In Molecular Biology</i> , 61-73. https://doi.org/10.1007/978-1-0716-2780-8_5

Fecha	Autores	Título	Tipo	Doi	Observaciones	Base de datos	Cita
2018	Gao Lu, Xu Tiansong, Huang Gang, Jiang Song, Gu Yan, Chen Feng	Oral microbiomes: more and more importance in oral cavity and whole body	Revision	https://doi.org/10.1007/s13238-018-0548-1		Pubmed	Gao, L., Xu, T., Huang, G., Jiang, S., Gu, Y., & Chen, F. (2018). Microbiomas orales: cada vez más importantes en la cavidad oral y en todo el cuerpo. <i>Protein & Cell</i> , 9(5), 488–500. https://doi.org/10.1007/s13238-018-0548-1
2022	Peng, X., Cheng, L., You, Y., Tang, C., Ren, B., Li, Y., Xu, X., & Zhou, X	Oral microbiota in human systematic diseases.	Revision	https://doi.org/10.1038/s41368-022-00163-7		Pubmed	Peng, X., Cheng, L., You, Y., Tang, C., Ren, B., Li, Y., Xu, X., & Zhou, X. (2022). Oral microbiota in human systematic diseases. <i>International Journal Of Oral Science</i> , 14(1). https://doi.org/10.1038/s41368-022-00163-7
2020	Karygianni, L., Ren, Z., Koo, H., & Thurnheer, T.	Biofilm Matrixome: Extracellular Components in Structured Microbial Communities.	Revision	https://doi.org/10.1016/j.tim.2020.03.016		Pubmed	Karygianni, L., Ren, Z., Koo, H., & Thurnheer, T. (2020). Biofilm Matrixome: Extracellular Components in Structured Microbial Communities. <i>Trends In Microbiology</i> , 28(8), 668–681. https://doi.org/10.1016/j.tim.2020.03.016
2011	Huang, R., Li, M., & Gregory, R. L.	Bacterial interactions in dental biofilm	Revision	https://doi.org/10.4161/viru.2.5.16140		Pubmed	Huang, R., Li, M., & Gregory, R. L. (2011). Bacterial interactions in dental biofilm. <i>Virulence</i> , 2(5), 435–444. https://doi.org/10.4161/viru.2.5.16140
2017	Marsh, P. D., & Zaura, E.	Dental biofilm: ecological interactions in health and disease.	Revision	https://doi.org/10.1111/jcpe.12679		Pubmed	Marsh, P. D., & Zaura, E. (2017). Dental biofilm: ecological interactions in health and disease. <i>Journal Of Clinical Periodontology</i> , 44(S18). https://doi.org/10.1111/jcpe.12679
2015	Takahashi, N.	Oral Microbiome Metabolism: From “Who Are They?” to “What Are They Doing?”	Revision	https://doi.org/10.1177/0022034515606045		Pubmed	Takahashi, N. (2015). Oral Microbiome Metabolism: From “Who Are They?” to “What Are They Doing?”. <i>Journal Of Dental Research</i> , 94(12), 1628–1637. https://doi.org/10.1177/0022034515606045
2020	Welch, J. L. M., Ramírez-Puebla, S. T., & Borisy, G. G.	Oral Microbiome Geography: Micron-Scale Habitat and Niche.	revisión	https://doi.org/10.1016/j.chom.2020.07.009		Pubmed	Welch, J. L. M., Ramírez-Puebla, S. T., & Borisy, G. G. (2020). Oral Microbiome Geography: Micron-Scale Habitat and Niche. <i>Cell Host & Microbe</i> , 28(2), 160–168. https://doi.org/10.1016/j.chom.2020.07.009
2019	Cintrón M, Hauser JR, Otto C, Persing D & Tang Y.	Diagnostic Microbiology. Encyclopedia of microbiology	Enciclopedia	https://doi.org/10.1016/B978-0-12-801238-3.02392-8		science direct	Cintrón, M., Hauser, J., Otto, C., Persing, D., & Tang, Y. (2014). Diagnostic Microbiology. En Elsevier eBooks. https://doi.org/10.1016/B978-0-12-801238-3.02392-8
2016	Siqueira, J. F., & Rôças, I. N.	The Oral Microbiota in Health and Disease: An Overview of Molecular Findings.	Revisión	https://doi.org/10.1007/978-1-4939-6685-1_7		Pubmed	Siqueira, J. F., & Rôças, I. N. (2016). The Oral Microbiota in Health and Disease: An Overview of Molecular Findings. <i>Methods In Molecular Biology</i> , 127, 138. https://doi.org/10.1007/978-1-4939-6685-1_7
2021	Litwack, G.	Chapter 10 - Nucleic Acids and Molecular Genetics	Capítulo de libro	https://doi.org/10.1016/b978-0-323-85718-5.00010-8		science direct	Litwack, G. (2021). Nucleic Acids and Molecular Genetics. En Elsevier eBooks (pp. 287-356). https://doi.org/10.1016/b978-0-323-85718-5.00010-8
2017	Vailati-Riboni, M., Palombo, V., & Loor, J. J.	What are Omics Sciences?	Capítulo de libro	https://doi.org/10.1007/978-3-319-43033-1_1		Springer Nature link	Vailati-Riboni, M., Palombo, V., & Loor, J. J. (2017). What are Omics Sciences? En Springer eBooks (pp. 1-7). https://doi.org/10.1007/978-3-319-43033-1_1
2014	Simón-Soro, A., & Mira, A.	Solving the etiology of dental caries.	Revisión	https://doi.org/10.1016/j.tim.2014.10.010		Pubmed	Simón-Soro, A., & Mira, A. (2014). Solving the etiology of dental caries. <i>Trends In Microbiology</i> , 23(2), 76–82. https://doi.org/10.1016/j.tim.2014.10.010
2019	Upadhyayula, R.S., Solanki, P.S., Suravajhala, P., Medicherla, K.M.	Bioinformatics Tools for Microbial Diversity Analysis.	Capítulo de libro	https://doi.org/10.1007/978-981-13-8315-1_2		Springer Nature link	Upadhyayula, R.S., Solanki, P.S., Suravajhala, P., Medicherla, K.M. (2019). Bioinformatics Tools for Microbial Diversity Analysis. In: Satyanarayana, T., Johri, B., Das, S. (eds) <i>Microbial Diversity in Ecosystem Sustainability and Biotechnological Applications</i> . Springer, Singapore. https://doi.org/10.1007/978-981-13-8315-1_2
2016	Kilian M, Chapple IL, Hannig M, Marsh PD, Meuric V, Pedersen AM, Tonetti MS, Wade WG, Zaura E.	The oral microbiome - an update for oral healthcare professionals.	Revisión	https://doi.org/10.1038/sj.bdj.2016.865		Pubmed	Kilian, M., Chapple, I. L. C., Hannig, M., Marsh, P. D., Meuric, V., Pedersen, A. M. L., Tonetti, M. S., Wade, W. G., & Zaura, E. (2016). The oral microbiome – an update for oral healthcare professionals. <i>BDJ</i> , 221(10), 657–666. https://doi.org/10.1038/sj.bdj.2016.865
2022	World Health Organization.	Informe sobre la situación mundial de la salud bucodental: Hacia la cobertura sanitaria universal para la salud bucodental de aquí a 2030.	Resumen Ejecutivo	https://sespo.es/wp-content/uploads/INFORME-SOBRE-LA-SITUACION-MUNDIAL-DE-LA-SALUD-BUCODENTAL.pdf		OMS	World Health Organization. (2022) Informe sobre la situación mundial de la salud bucodental: Hacia la cobertura sanitaria universal para la salud bucodental de aquí a 2030. Resumen Ejecutivo.
2023	Maier, T.	Oral Microbiome in Health and Disease: Maintaining a Healthy, Balanced Ecosystem and Reversing Dysbiosis	Revisión	https://doi.org/10.3390/microorganisms11061453		Pubmed	Maier, T. (2023). Oral Microbiome in Health and Disease: Maintaining a Healthy, Balanced Ecosystem and Reversing Dysbiosis. <i>Microorganisms</i> , 11(6), 1453. https://doi.org/10.3390/microorganisms11061453
2017	Bosshardt, D. D.	The periodontal pocket: pathogenesis, histopathology and consequences.	Revisión	https://doi.org/10.1111/prd.12153		Pubmed	Bosshardt, D. D. (2017). The periodontal pocket: pathogenesis, histopathology and consequences. <i>Periodontology</i> 2000, 76(1), 43-50. https://doi.org/10.1111/prd.12153
2023	Xiao, X., Liu, S., Deng, H., Song, Y., Zhang, L., & Song, Z.	Advances in the oral microbiota and rapid detection of oral infectious diseases.	Revisión	https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1121737		Pubmed	Xiao, X., Liu, S., Deng, H., Song, Y., Zhang, L., & Song, Z. (2023). Advances in the oral microbiota and rapid detection of oral infectious diseases. <i>Frontiers In Microbiology</i> , 14. https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1121737
2023	Saikia, P. J., Pathak, L., Mitra, S., & Das, B.	The emerging role of oral microbiota in oral cancer initiation, progression and stemness.	Revisión	https://doi.org/10.3389/fimmu.2023.1198269		Pubmed	Saikia, P. J., Pathak, L., Mitra, S., & Das, B. (2023). The emerging role of oral microbiota in oral cancer initiation, progression and stemness. <i>Frontiers In Immunology</i> , 14. https://doi.org/10.3389/fimmu.2023.1198269
2024	Sukmana, B. I., Saleh, R. O., Najim, M. A., Al-Ghamdi, H. S., Achmad, H., Al-Hamdani, M. M., Taber, A. A., Alsalam, A.	Oral microbiota and oral squamous cell carcinoma: a review of their relation and carcinogenic mechanisms.	Revisión	https://doi.org/10.3389/fonc.2024.1319777		Pubmed	Sukmana, B. I., Saleh, R. O., Najim, M. A., Al-Ghamdi, H. S., Achmad, H., Al-Hamdani, M. M., Taber, A. A., Alsalam, A., & Javadi, K. (2024). Oral microbiota and oral squamous cell carcinoma: a review of their relation and carcinogenic mechanisms. <i>Frontiers In Oncology</i> , 14. https://doi.org/10.3389/fonc.2024.1319777
1997	Page, R. C., Offenbacher, S., Schroeder, H. E., Seymour, G. J., & Kornman, K. S.	Advances in the pathogenesis of periodontitis: summary of developments, clinical implications and future directions.	Revisión	https://doi.org/10.1111/j.1600-0757.1997.tb00199.x		Pubmed	Page, R. C. S. (1997). Advances in the pathogenesis of periodontitis: summary of developments, clinical implications and future directions. <i>Periodontology</i> 2000, 14(1), 216–248. https://doi.org/10.1111/j.1600-0757.1997.tb00199.x
2017	Winning, L., & Linden, G. J.	Periodontitis and Systemic Disease: Association or Causality?	Revisión	https://doi.org/10.1007/s40496-017-0121-7		Pubmed	Winning, L., & Linden, G. J. (2017). Periodontitis and Systemic Disease: Association or Causality? <i>Current Oral Health Reports</i> , 4(1), 1–7. https://doi.org/10.1007/s40496-017-0121-7
2023	Vitkov, L., Singh, J., Schauer, C., Minnich, B., Krunic, J., Oberthaler, H., Gamsjaeger, S., Herrmann, M., Knopf, J., & Hannig, M.	Breaking the Gingival Barrier in Periodontitis.	Revisión	https://doi.org/10.3390/jms24054544		Pubmed	Vitkov, L., Singh, J., Schauer, C., Minnich, B., Krunic, J., Oberthaler, H., Gamsjaeger, S., Herrmann, M., Knopf, J., & Hannig, M. (2023). Breaking the Gingival Barrier in Periodontitis. <i>International Journal Of Molecular Sciences</i> , 24(5), 4544. https://doi.org/10.3390/jms24054544
2023	Yamazaki, K., & Kamada, N.	Exploring the oral-gut linkage: Interrelationship between oral and systemic diseases.	Revisión	https://doi.org/10.1016/j.mucimm.2023.11.006		Pubmed	Yamazaki, K., & Kamada, N. (2023). Exploring the oral-gut linkage: Interrelationship between oral and systemic diseases. <i>Mucosal Immunology</i> , 17(1), 147–153. https://doi.org/10.1016/j.mucimm.2023.11.006
2023	Gao, S., Zhang, Z., Sun, K., Li, M., & Qi, Y.	Upper gastrointestinal tract microbiota with oral origin in relation to oesophageal squamous cell carcinoma.	Revisión	https://doi.org/10.1080/07853890.2023.2295401		Pubmed	Gao, S., Zhang, Z., Sun, K., Li, M., & Qi, Y. (2023). Upper gastrointestinal tract microbiota with oral origin in relation to oesophageal squamous cell carcinoma. <i>Annals Of Medicine</i> , 55(2). https://doi.org/10.1080/07853890.2023.2295401
2020	Chu, X., Cao, N., Zhou, H., Meng, X., Guo, B., Zhang, H., & Li, B.	The oral and gut microbiome in rheumatoid arthritis patients: a systematic review.	Revisión	https://doi.org/10.1093/rheumatology/keaa835		Pubmed	Chu, X., Cao, N., Zhou, H., Meng, X., Guo, B., Zhang, H., & Li, B. (2020). The oral and gut microbiome in rheumatoid arthritis patients: a systematic review. <i>Lara D. Veeken</i> , 60(3), 1054–1066. https://doi.org/10.1093/rheumatology/keaa835
2007	Perry, V. H., Cunningham, C., & Holmes, C.	Systemic infections and inflammation affect chronic neurodegeneration.	Revisión	https://doi.org/10.1038/nri2015		Pubmed	Perry, V. H., Cunningham, C., & Holmes, C. (2007). Systemic infections and inflammation affect chronic neurodegeneration. <i>Nature Reviews. Immunology</i> , 7(2), 161–167. https://doi.org/10.1038/nri2015
2017	McManus, R. M., & Heneka, M. T.	Role of neuroinflammation in neurodegeneration: new insights.	Revisión	https://doi.org/10.1186/s13195-017-0241-2		Pubmed	McManus, R. M., & Heneka, M. T. (2017). Role of neuroinflammation in neurodegeneration: new insights. <i>Alzheimer S Research & Therapy</i> , 9(1). https://doi.org/10.1186/s13195-017-0241-2

2019	Choi, S., Kim, K., Chang, J., Kim, S. M., Kim, S. J., Cho, H., & Park, S. M.	Association of Chronic Periodontitis on Alzheimer's Disease or Vascular Dementia.	Investigación	https://doi.org/10.1111/jgs.15828		Pubmed	Choi, S., Kim, K., Chang, J., Kim, S. M., Kim, S. J., Cho, H., & Park, S. M. (2019). Association of Chronic Periodontitis on Alzheimer's Disease or Vascular Dementia. <i>Journal Of The American Geriatrics Society</i> , 67(6), 1234-1239. https://doi.org/10.1111/jgs.15828
2021	Zhang, J., Sun, M., Zhao, Y., Geng, G., & Hu, Y.	Identification of Gingivitis-Related Genes Across Human Tissues Based on the Summary Mendelian Randomization.	Investigación	https://doi.org/10.3389/fcell.2020.624766		Pubmed	Zhang, J., Sun, M., Zhao, Y., Geng, G., & Hu, Y. (2021). Identification of Gingivitis-Related Genes Across Human Tissues Based on the Summary Mendelian Randomization. <i>Frontiers In Cell And Developmental Biology</i> , 8. https://doi.org/10.3389/fcell.2020.624766
2021	Del Giudice, C., Vaia, E., Liccardo, D., Marzano, F., Valletta, A., Spagnuolo, G., Ferrara, N., Rengo, C., Cannavo, A., & Rengo, G.	Infective Endocarditis: A Focus on Oral Microbiota.	Revisión	https://doi.org/10.3390/microorganisms9061218		Pubmed	Del Giudice, C., Vaia, E., Liccardo, D., Marzano, F., Valletta, A., Spagnuolo, G., Ferrara, N., Rengo, C., Cannavo, A., & Rengo, G. (2021). Infective Endocarditis: A Focus on Oral Microbiota. <i>Microorganisms</i> , 9(6), 1218. https://doi.org/10.3390/microorganisms9061218
2024	Ismail, A., Yogarajah, A., Falconer, J. L., Dworakowski, R., Watson, S., Breeze, J., Gunning, M., Khan, H., Hussain, A., Howard, J. P., Cheong, P., Shah, M., Nibali, L., & Sousa, V.	Insights into microorganisms, associated factors, and the oral microbiome in infective endocarditis patients.	Investigación	https://doi.org/10.3389/froh.2024.1270492		Pubmed	Ismail, A., Yogarajah, A., Falconer, J. L., Dworakowski, R., Watson, S., Breeze, J., Gunning, M., Khan, H., Hussain, A., Howard, J. P., Cheong, P., Shah, M., Nibali, L., & Sousa, V. (2024). Insights into microorganisms, associated factors, and the oral microbiome in infective endocarditis patients. <i>Frontiers In Oral Health</i> , 5. https://doi.org/10.3389/froh.2024.1270492
2021	Jiang, Y., Song, B., Brandt, B. W., Cheng, L., Zhou, X., Exterkate, R. A. M., Crielaard, W., & Deng, D. M.	Comparison of Red-Complex Bacteria Between Saliva and Subgingival Plaque of Periodontitis Patients: A Systematic Review and Meta-Analysis.	Investigación	https://doi.org/10.3389/fcimb.2021.727732		Pubmed	Jiang, Y., Song, B., Brandt, B. W., Cheng, L., Zhou, X., Exterkate, R. A. M., Crielaard, W., & Deng, D. M. (2021). Comparison of Red-Complex Bacteria Between Saliva and Subgingival Plaque of Periodontitis Patients: A Systematic Review and Meta-Analysis. <i>Frontiers In Cellular And Infection Microbiology</i> , 11. https://doi.org/10.3389/fcimb.2021.727732
2022	Lu, J., Zhang, S., Huang, Y., Qian, J., Tan, B., Qian, X., Zhuang, J., Zou, X., Li, Y., & Yan, F.	Periodontitis-related salivary microbiota aggravates Alzheimer's disease via gut-brain axis crosstalk.	Investigación	https://doi.org/10.1080/19490976.2022.2126272		Pubmed	Lu, J., Zhang, S., Huang, Y., Qian, J., Tan, B., Qian, X., Zhuang, J., Zou, X., Li, Y., & Yan, F. (2022). Periodontitis-related salivary microbiota aggravates Alzheimer's disease via gut-brain axis crosstalk. <i>Gut Microbes</i> , 14(1). https://doi.org/10.1080/19490976.2022.2126272