



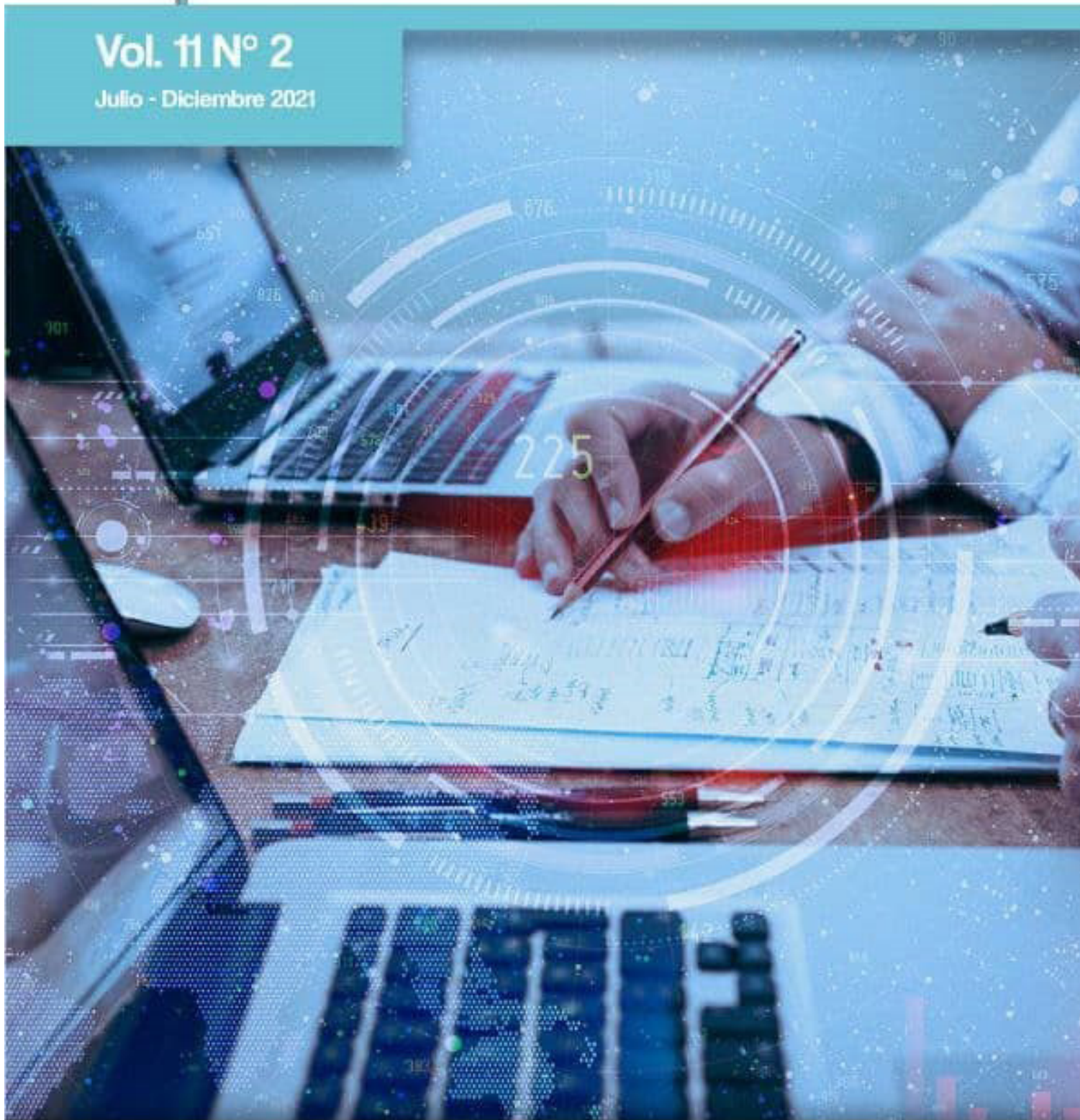
Red de Investigación Estudiantil de la Universidad del Zulia  
Revista Venezolana de Investigación Estudiantil

# REDIELUZ

Sembrando la investigación estudiantil

Vol. 11 N° 2

Julio - Diciembre 2021



ISSN: 2244-7334  
Depósito Legal: pp201102ZU3769



VAC

Universidad del Zulia  
Vicerrectorado Académico

## ***Staphylococcus aureus* AISLADOS EN CONSULTORIOS ODONTOLÓGICOS. GENES DE RESISTENCIA Y VIRULENCIA**

*Staphylococcus aureus* isolated in the dental area. Resistance and virulence genes

**Paola Patricia Orellana Bravo**

Unidad Académica de Salud y Bienestar, Carrera de Odontología, Laboratorio de Genética y Biología Molecular del Centro de Investigación y Transferencia de Tecnología. Universidad Católica de Cuenca, Cuenca-Ecuador

ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-6276-0521>

[porellana@ucacue.edu.ec](mailto:porellana@ucacue.edu.ec)

### RESUMEN

*Staphylococcus aureus* es un reconocido y adaptable patógeno humano, la capacidad patogénica con sus genes de virulencia y su propensión a adquirir resistencia a los antimicrobianos, justifican la evaluación de la presencia de este microorganismo en piezas de mano y pantalla de teléfonos móviles. El objetivo de esta investigación fue analizar el gen de resistencia *mecA* y los genes de virulencia *tst* y *lukS-F PV* en cepas de *S. aureus* aisladas en piezas de mano y pantallas de teléfonos móviles de consultorios odontológicos de la ciudad de Cuenca-Ecuador mediante técnicas moleculares. La Metodología empleada fue transversal, descriptiva y observacional. La muestra fue constituida por 5 cepas de *Staphylococcus aureus* (3 de pantallas de teléfonos móviles y 2 de piezas de alta velocidad) en las cuales, mediante PCR se analizaron los genes mencionados. Resultados, un 40% de las cepas presentaron el gen *mecA*, el gen *tst* se identificó en un 80% de las cepas, mientras que ninguna cepa poseía el gen *lukS-F PV*. Se concluye, las cepas resistentes y virulentas de *S. aureus* se encuentra en pantallas de teléfonos móviles y piezas de alta velocidad de consultorios odontológicos. Es recomendable mantener medidas de esterilización e higiene de estos equipos de uso odontológico.

**Palabras clave:** *Staphylococcus aureus*; teléfonos móviles; equipos de uso odontológicos; factores de virulencia.

### ABSTRACT

*Staphylococcus aureus* is a recognized and adaptable human pathogen, the pathogenic capacity with its virulence genes and its propensity to acquire resistance to antimicrobials, justify the evaluation of the presence of this microorganism in handpieces and mobile phone screens. The objective of this research was to analyze the *mecA* resistance gene and the virulence genes *tst* and *lukS-F PV* in strains of *S. aureus* isolated in handpieces and mobile phone screens of dental offices in the city of Cuenca-Ecuador using molecular techniques. The methodology used was cross-sectional, descriptive and observational. The sample consisted of 5 strains of *Staphylococcus aureus* (3 from mobile phone screens and 2 from high-speed parts) in which the aforementioned genes were analyzed by PCR. Results, 40% of the strains presented the *mecA* gene, the *tst* gene was identified in 80% of the strains, while no strain had the *lukS-F PV* gene. It is concluded that resistant and virulent strains of *S. aureus* are found on mobile phone screens and high-speed parts of dental offices. It is advisable to maintain sterilization and hygiene measures for these dental equipment.

**Keywords:** *Staphylococcus aureus*; mobile phones; dental equipment; virulence factors.

**Recibido: 08-07-2021 Aceptado: 10-08-2021**



## INTRODUCCIÓN

*Staphylococcus aureus* (*S. aureus*) es un reconocido y adaptable patógeno humano, frecuentemente aislado como parte de la microbiota de las fosas nasales, la orofaringe, la piel y las membranas mucosas; puede causar una amplia variedad de cuadros clínicos, desde infecciones leves de piel y tejidos blandos hasta procesos infecciosos graves capaces de comprometer la vida. Este microorganismo se caracteriza por poseer diversos factores de virulencia, tales como, componentes de la pared celular, enzimas degradativas y toxinas superantigénicas; además, puede adquirir resistencia a los antimicrobianos de uso clínico, cuya propagación es de gran importancia en el ámbito de la salud pública (Suzuki, 2007; Lam, 2012; Garza, 2013; Cataldo, 2014; Ga, 2015).

En la cavidad oral, *S. aureus* se ha asociado con enfermedades dentoalveolares, periodontitis, queilitis angular, parotiditis, infecciones asociadas a implantes dentales y recientemente con mucositis oral, una entidad clínica diagnosticada en personas mayores, pacientes dependientes de nutrición parenteral, niños inmunosuprimidos y pacientes con patologías sistémicas, como artritis reumatoide, diabetes mellitus y padecimientos hematológicos malignos (Pereira, 2011; Ga, 2015; Abbas, 2017). Además, *S. aureus* desempeña un papel en la exacerbación de las patologías dentales, mediante la formación de biopelículas con los agentes causales de enfermedades periodontales (Ga, 2015).

Vale destacar que, *S. aureus* ha sido aislado de individuos con diversas infecciones odontológicas y es frecuentemente encontrado en la cavidad bucal de niños y adultos sanos. Sin embargo, su papel como parte de la microbiota oral sigue siendo objeto de discusión (Smith, 2001; Cataldo, 2014). Diversos investigadores consideran que debido a su habitual aislamiento puede ser considerado como parte de la microflora residente (Suzuki, 2007; Cataldo, 2014; Petti, 2014; McCormack, 2015). Otros autores señalan a *S. aureus* como colonizador transitorio de la cavidad bucal (Jackson, 2000). Por otra parte, un estudio realizado por Ohara et al. (2008), en el cual, se analizaron muestras de saliva, placa dental e hisopado nasal, aislaron los mismos clones, tanto en la boca como en las fosas nasales, lo cual, evidencia el tráfico nasal-oral de *S. aureus*. Este foco de controversia puede también relacionarse con el hecho que esta bacteria, así como otros componentes de la microbiota oral, sufre constante

recambio debido a su continua interrelación con el medio ambiente; en efecto, el estudio de la microbiota oral es complejo, no solo por la cantidad y diversidad de microorganismos que la forman, sino también, por las constantes variaciones motivadas por su exposición al entorno externo.

El *S. aureus*, ha sido recuperado a partir de muestras de la lengua, la saliva, las áreas mucosas, las superficies sub y supragingivales de los dientes, y las bolsas periodontales (Suzuki, 2007; Cuesta, 2010; Pereira, 2011; Cataldo, 2014; Abbas 2017; Vieira, 2019; Wang, 2019). Estudios realizados a lo largo de las últimas décadas (Jackson, 2000; Abudu, 2001; Hussain, 2001; Suzuki, 2007; Ohara, 2008; McCormack, 2015; Vieira, 2019), han reportado una variabilidad en la frecuencia de aislamiento de *S. aureus*, en especímenes de diferentes áreas de la cavidad oral.

Los antibióticos betalactámicos (penicilina, meticilina), son capaces de inhibir la proliferación bacteriana, pero el uso indiscriminado de penicilina, ha provocado la resistencia en *S. aureus*, mediante el gen *blaZ*, que codifica para betalactamasas. Por la razón antes mencionada, se han desarrollado fármacos sintéticos como la meticilina. Con el paso del tiempo cepas de *S. aureus* desarrollaron el gen *mecA* lo que hizo imposible que la meticilina ejerciera su efecto, adoptando el nombre de *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina (SARM). Esta resistencia complicó las opciones de tratamiento para infecciones por *S. aureus* (Castellano, 2010; Lee, 2018).

Desde el primer reporte de *S. aureus* resistente a meticilina (SARM), en 1960 (Suzuki, 2007), este microorganismo se considera como un importante patógeno intrahospitalario; sin embargo, en las últimas décadas ha surgido como causal de infecciones adquiridas en la comunidad.

La presencia de SARM en las fosas nasales, heridas cutáneas y tracto respiratorio ha sido bien documentada (Bueris, 2005). Se estima que alrededor del 29% de los individuos colonizada por cepas de SARM, desarrollan enfermedad y tiene mayor riesgo de infección invasiva (Rodríguez, 2015), sin embargo, poco se conoce sobre su presencia en equipos e instrumental de uso odontológico y sus posibles implicaciones en patologías odontológicas.

*S. aureus* posee diferentes genes de virulencia que codifican para toxinas proteicas entre los cuales se tiene: el gen *tst*, que codifica para la Toxina del Síndrome de Shock Tóxico 1 (TSST-1) la cual,

bloquea la quimiotaxis de los leucocitos, causando diferentes patologías como: erupciones de la piel, debilidad muscular, problemas gastrointestinales e insuficiencia renal aguda (Corredor, 2011; Bertelloni, 2015; González, 2018). El gen *lukS-F PV* codifica la toxina leucocidina Panton-Valentine (PVL), que causa alteración de la permeabilidad celular, destrucción de los glóbulos blancos, causando patologías que van desde infecciones simples hasta enfermedades de invasión (Romero, 2016; Waleed, 2019).

Se asoció actualmente, PVL con *S. aureus* de origen comunitario resistente a meticilina (SARMc) (Romero, 2016). SARMc codifica para Panton Valentine, posee una probabilidad de afectar la salud debido a la alta resistencia bacteriana a los antibióticos comunes (Prevost, 1995).

Las cepas de *S. aureus* que poseen los genes que codifican las toxinas mencionadas, presentan mayor virulencia y son, por tanto, mucho más peligrosas, comprometiendo la salud de los seres humanos (Corredor, 2011).

Por lo antes mencionado, en los consultorios odontológicos es necesario conocer *S. aureus* en equipos y superficies, por la capacidad de contaminación cruzada que pueda representar un riesgo para la salud de los pacientes y el personal de la clínica odontológica. Las pantallas de celulares y piezas, de mano de alta velocidad son instrumentos que se usan a diario en las clínicas y puede contaminarse con sangre u otros fluidos corporales, que pueden representar un riesgo si no se limpian o esterilizan de una manera adecuada (Romero, 2017).

La capacidad patogénica con sus genes de virulencia de *S. aureus* y su propensión a adquirir resistencia a los antimicrobianos, justifican la evaluación de la presencia de este microorganismo en piezas de mano y pantalla de teléfonos móviles. Los datos suministrados por esta investigación pueden contribuir con el desarrollo e implementación de medidas profilácticas y de higiene tendientes a controlar la propagación de *S. aureus* y SARM en la comunidad. Por lo tanto, el presente estudio tiene como objetivo, analizar el gen de resistencia *mecA* y los genes de virulencia (*tst* y *lukS-F PV*) en cepas de *S. aureus* aisladas en piezas de mano y pantallas de teléfonos móviles de consultorios odontológicos en la ciudad de Cuenca- Ecuador mediante técnicas moleculares.

## METODOLOGÍA

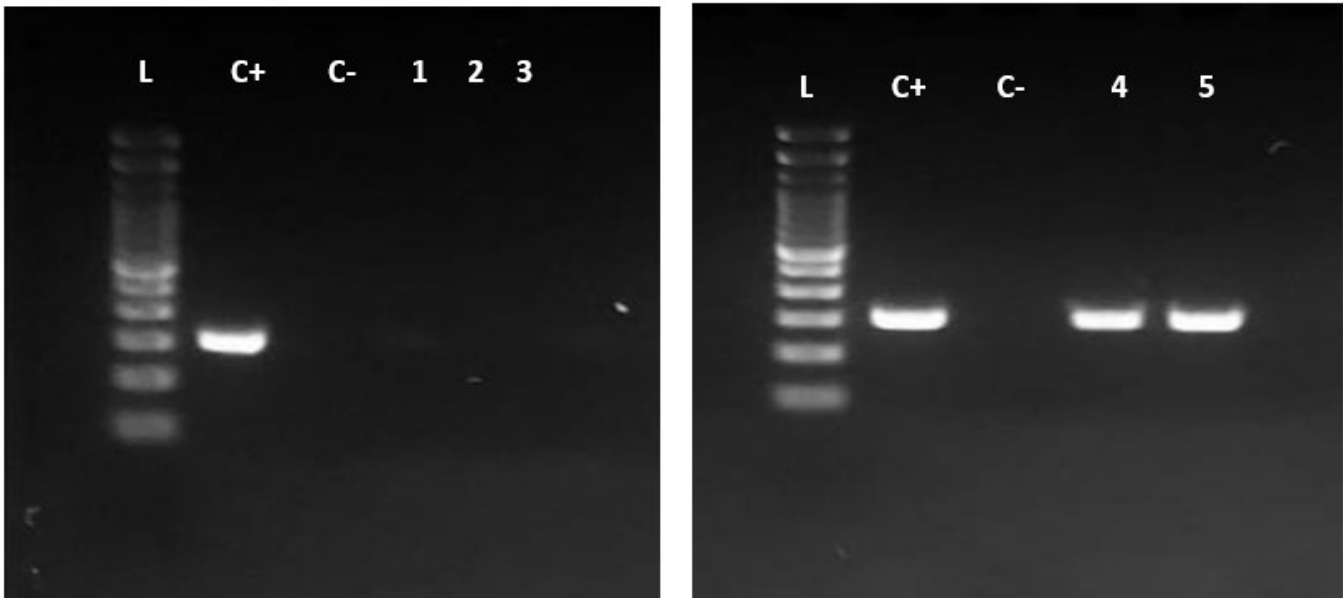
Investigación transversal, descriptiva y observacional. La muestra de esta investigación lo constituyeron 5 cepas de *Staphylococcus aureus* (3 de pantallas de teléfonos móviles y 2 de piezas de alta velocidad) aisladas en un estudio previo mediante métodos fenotípicos y genotípicos, en el cual, se incluyeron 30 piezas de alta velocidad y 30 pantallas de teléfonos móviles de consultorios odontológicos y odontólogos respectivamente, de la ciudad de Cuenca- Ecuador, los cuales accedieron voluntariamente a participar, mediante la firma de un consentimiento informado.

Las 5 cepas de *S. aureus*, se encontraban almacenadas a menos 80° C en el Laboratorio de Genética y Biología Molecular del Centro de Investigación, Innovación y Transferencia de Tecnología (CIITT) de la Universidad Católica de Cuenca, fueron cultivadas en Agar Manitol e incubadas por 24 horas a 36° C.

Se procedió a extraer el ADN bacteriano como lo indica Andrade (2019), y posteriormente se procedió a la detección genotípica mediante la Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR) del gen de resistencia *mecA*, según Andrade (2019), los genes de virulencia *tst* y *lukS-F PV* según Jarraud (2002), Lina (1999). Los resultados se analizaron mediante frecuencias absolutas y relativas. Se empleó el programa Microsoft office Excel, para registrar y reportar los resultados encontrados.

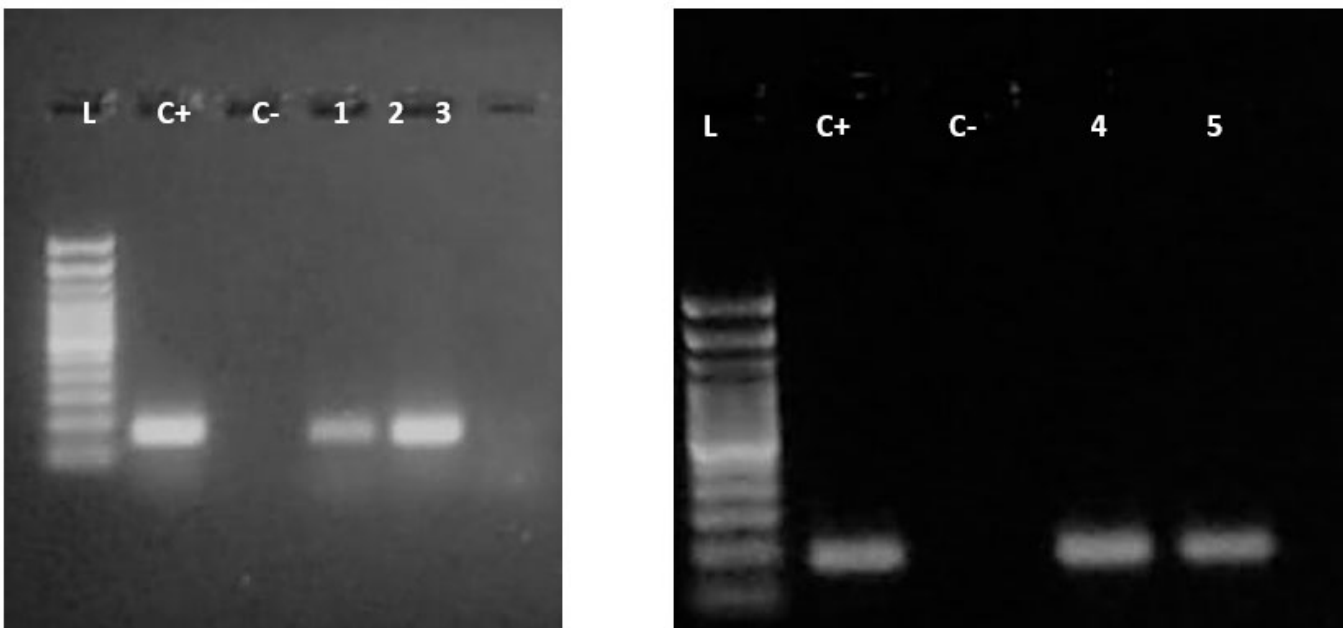
## RESULTADOS

En las 5 cepas estudiadas de *Staphylococcus aureus*, se identificaron los genes: *mecA* (gen de resistencia para la meticilina), el gen *tst* (gen de virulencia que codifica para la toxina TSST-1) y el gen *lukS-F PV* (gen de virulencia que codifica para la toxina PVL). Un 40% de las cepas presentaron el gen *mecA*, el gen *tst* se identificó en un 80% de las cepas, mientras que ninguna cepa poseía el gen *lukS-F PV* Figuras 1-3.



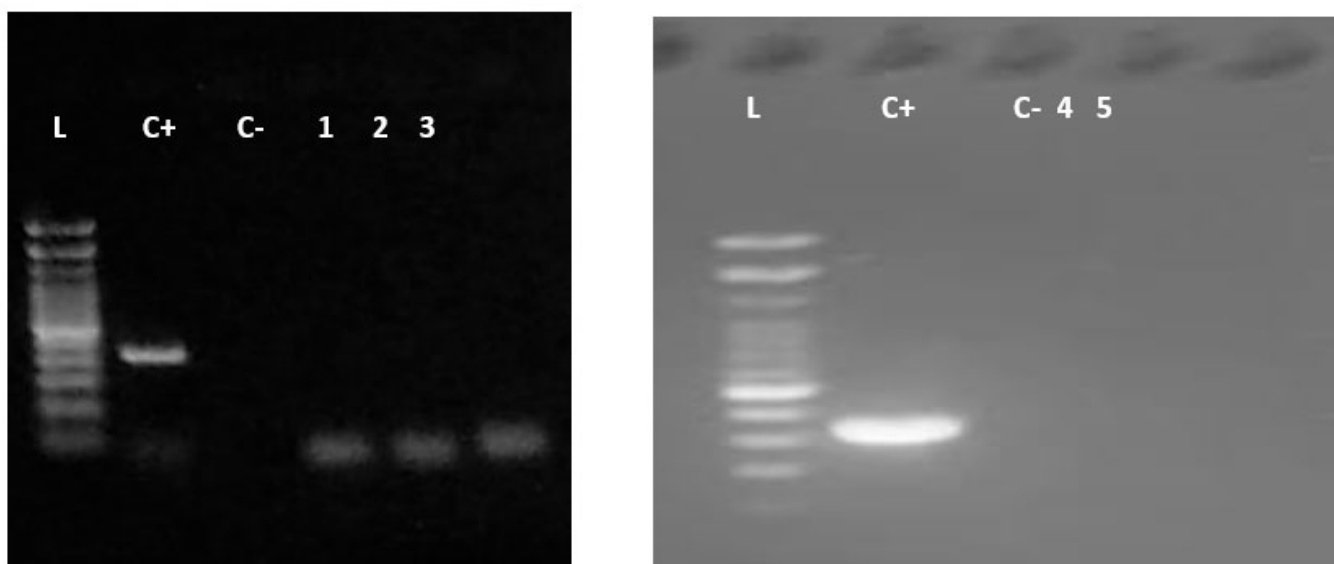
**Figura 1.** Amplificación del gen *mecA* (310 pb) a la izquierda *S. aureus* aislados de pantallas de teléfonos móviles y a la derecha *S. aureus* aislados de piezas de mano, L: escalera alélica, C+: control positivo, C-: control negativo, Cepas positivas: 4 y 5.

Fuente: Orellana y Andrade (2020)



**Figura 2.** Amplificación del gen *tst* (180 pb) a la izquierda *S. aureus* aislados de pantallas de teléfonos móviles y a la derecha *S. aureus* aislados de piezas de mano, L: escalera alélica, C+: control positivo, C-: control negativo, Cepas positivas: 1, 2, 4 y 5.

Fuente: Orellana y Andrade (2020)



**Figura 3.** Amplificación del gen *lukS-F PV* (433 pb) a la izquierda *S. aureus* aislados de pantallas de teléfonos móviles y a la derecha *S. aureus* aislados de piezas de mano, L: escalera alélica, C+: control positivo, C-: control negativo, cepas negativas: 1, 2, 3, 4 y 5.

Fuente: Orellana y Andrade (2020)

## DISCUSIÓN

La colonización por *S. aureus*, es considerada como reservorio para la producción de infecciones estafilocócicas. Sin embargo, investigaciones realizadas en las últimas décadas, muestran la presencia de esta bacteria en la garganta y la cavidad oral, tanto de individuos enfermos como saludables. Este microorganismo puede habitar sólo en la cavidad bucal o emigrar desde las fosas nasales a través de la orofaringe. Además, los genes de virulencia, la resistencia a los antimicrobianos y la patogenicidad de SARM pueden favorecer y prolongar su persistencia en el tejido bucal, con lo cual, la boca pudiera contribuir como una fuente para la producción de procesos infecciosos sistémicos (Nilsson, 2006; Buonavoglia, 2010).

La pieza de mano de alta velocidad es uno de los equipos más utilizados en la consulta odontológica, la cual, si no es esterilizada adecuadamente puede producir contaminación en los pacientes tratados (Romero, 2017). El teléfono móvil representa el equipo más utilizado en la comunicación en estos tiempos, se usa en las diferentes áreas de salud, siendo un equipo de fácil contaminación y un potencial vehículo de transmisión de bacterias patógenas para el ser humano (Bodena, 2019; Noumi, 2020).

En este estudio, se aislaron 5 cepas de *S. aureus*, 3 de teléfonos móviles y 2 de piezas de alta velocidad, en las cuales, se analizaron el gen de resistencia *mecA* con un 40% valor de importancia, pues, las cepas que son resistentes a este antibiótico son a la mayoría de beta-lactámicos Andrade (2019), resultados similares entre 32 a 45,9% de resistencia a la Meticilina han sido reportados en Colombia por Chávez y col. (2017), en Libia por Al-Abdli (2016) y en Nepal por Mukhiya y col. (2013). Valores superiores fueron documentados en un hospital de Tailandia por Seng y col. (2017), reportaron el gen *mecA* en un 70,1 % de cepas aisladas.

En este estudio se investigó también, la portación de genes de virulencia en las 5 cepas de *S. aureus*: el gen *tst* con un 80%, valor mucho más alto que el reportado por González y col., en 2018 en Colombia y Sila y col., en 2009 en República Checa en donde se determinó que el gen *tst* estuvo presente entre el 18-23.2 % de las cepas de *S. aureus* aisladas de diferentes tipos de muestras. El gen *lukS-F PV* en este estudio, no estuvo presente en ninguna de las cepas de *S. aureus*, dato que concuerda con la investigación de Cataldo y col., en 2014 en Paraguay, en la cual, ninguna cepa de *S. aureus* aisladas de la cavidad oral de niños, dio positivo para *lukS-PV*.



## CONCLUSIONES

Con base en los resultados de esta investigación y con apoyo de los hallazgos de otros investigadores, se concluye, que cepas resistentes y virulentas de *S. aureus*, se encuentra en pantallas de teléfonos móviles y piezas de alta velocidad de consultorios odontológicos. Sin embargo, se requiere la realización de estudios más amplios que permitan generalizar los resultados.

Dada las condiciones de patogenicidad de esta bacteria y su fácil propagación, es recomendable mantener medidas de esterilización en las piezas de alta velocidad y desinfección constante de los teléfonos móviles, que permitan controlar la propagación de cepas de *S. aureus* virulentas y resistentes a meticilina en la comunidad.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Abbas M, Al-Yasseen A, Alhamadi W. (2017). Prevalence of *Staphylococcus aureus* among gingivitis in patient with orthodontic wires in Kufa City/Iraq. *Pak J Biotechnol*; 14 (1):91-96.
- Abudu L, Blair I, Fraise A. (2001). Methicillin resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA): a community-based prevalence survey. *Epidemiol Infect*; 126: 351-356.
- Al-Abdli NE, Baiu SH. 2016. Isolation of MRSA Strains from Hospital Environment in Benghazi City, Libya. *Am J Infect Dis Microbiol [Internet]*; 4(2):41-3
- Andrade C, Orellana P. (2019). Frecuencia y susceptibilidad a penicilina y meticilina de aislamientos ambientales de *Staphylococcus aureus* en un hospital de Cuenca. *Kasmera*; 47(2):123-130.
- Bertelloni F, Fratini F, Ebani V, Galiero A, y col. (2015). Detection of genes encoding for enterotoxins, TSST-1, and biofilm production in coagulase-negative *Staphylococci* from bovine bulk tank milk. *Dairy Science & Technology*; 95:341–352.
- Bodena D, Teklemariam Z, Balakrishnan S, Tesfa T. (2019). Bacterial contamination of mobile phones of health professionals in Eastern Ethiopia: antimicrobial susceptibility and associated factors. *Trop Med Health*; 47: 15.
- Bueris V, Pimenta F, Yoko Ito I, Marin J. (2005). Oral incidence of *Staphylococcus aureus* and antimicrobials agents resistance. *Braz J Oral Sci*; 4(12): 676-679.
- Buonavoglia A, Latronico F, Greco M, D'Abramo M, Marinaro M, Mangini F, Corrente M. (2010). Methicillin-resistant staphylococci carriage in the oral cavity: a study conducted in Bari (Italy). *Oral Dis* 2010; 16: 465-468.
- Castellano M, Perozo A. Mecanismos de resistencia a antibióticos B-lactámicos en *Staphylococcus aureus*. *Kasmera*; 38(1): 18-35.
- Cataldo K, Jacquett N, Fariña N, Pereira A, Rodríguez F, Guillen R, Russomando G. (2014). Portación de *Staphylococcus aureus* multiresistentes a antimicrobianos en cavidad bucal de niños que concurren para un tratamiento en una clínica odontológica, Paraguay. *Pediatr (Asunción)*; 41(3):201-207.
- Chávez-Vivas M, Martínez A del C, Esparza-Mantilla M. (2017) Caracterización de *Staphylococcus aureus* obtenido del ambiente hospitalario y del personal de salud en un hospital de la ciudad de Cali. *Biosalud [Internet]*;16(2):22-33.
- Corredor LF and Santacruz JJ. (2011). Detección de genes de toxinas pirogénicas y toxinas exfoliativas en aislamientos clínicos de *Staphylococcus aureus* en Colombia. *Investig. Andina*; 14(25):577–87.
- Cuesta A, Jewtuchowicz V, Brusca M, Natri M, Rosa A. (2010). Prevalence of *Staphylococcus spp* and *Candida spp* in the oral cavity and periodontal pockets of periodontal disease patients. *Acta Odontol Latinoam*; 23:20-26.
- Ga K, Chong L. (2015) Antimicrobial susceptibility and pathogenic genes of *Staphylococcus aureus* isolated from the oral cavity of patients with periodontitis. *J J Periodont Implant Sci*; 45:223-228.
- Garza R, Zúñiga O, Perea L. (2013). La importancia clínica actual de *Staphylococcus aureus* en el ambiente intrahospitalario. *Educ quím*; 24(1):8-13.
- González YM, Florez G, Moncayo J and Santacruz J. y col. (2018). Detección y expresión de superantígenos y de resistencia antimicrobiana en aislamientos obtenidos de mujeres portadoras de *Staphylococcus aureus* que cuidan y alimentan niños. *Biomédica*; 38(1): 96–104.
- Hussain F, Boyle-Vavra S and Daum R. (2001) Community-acquired methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* colonization in healthy children attending an outpatient pediatric clinic. *Pediatr Infect Dis J*; 20: 763-767.

- Jackson M, Bagg J, Kennedy H, Michie J. (2000). Staphylococci in the oral flora of healthy children and those receiving treatment for malignant disease. *Microbiol Ecol Health Dis*; 12: 60-64.
- Jarraud S, Mougél C, Thioulouse J. y col. (2002). Relationships between *Staphylococcus aureus* Genetic Background, Virulence Factors, agr Groups (Alleles), and Human Disease. *Infection and Immunity*; 631-641.
- Lam O, McGrath C, Bandara H, Li L, Samaranyake L. (2012). Oral health promotion interventions on oral reservoirs of *Staphylococcus aureus*: a systematic review. *Oral Dis*; 18:244-254.
- Lee A, De Lencastre H, Garau J, Kluytmans J, Malhotra-Kumar S, Peschel A y col. (2018). Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*. *Nat Rev Dis Primers*; 4(18033): 1-23.
- Lina G, Piémont Y, Godail-Gamot F, Bes M. y col. (1999). Involvement of Panton-Valentine leukocidin-producing *Staphylococcus aureus* in primary skin infections and pneumonia. *Clin Infect Dis*; 29(5):1128-32.
- McCormack M, Smith A, Akram A, Jackson M, Robertson D, Edwards G. (2015). *Staphylococcus aureus* and the oral cavity: An overlooked source of carriage and infection?. *Am J Infect Control*; 43: 35-37.
- Mukhiya R, Shrestha A, Rai S, Panta K, Singh RN, Rai G, y col. (2013). Prevalence of Methicillin-Resistant *Staphylococcus aureus* in Hospitals of Kathmandu Valley. *Nepal J Sci Technol [Internet]*;13(2):185-90.
- Nilsson P, Ripa T. (2006). *Staphylococcus aureus* throat colonization is more frequent than colonization in the anterior nares. *J Clin Microbiol*; 44: 3334–3339.
- Noumi E, Merghni A, Alreshidi M, Del Campo R, Adnan M, Haddad O y col. (2020). Phenotypic and Genotypic Characterization with MALDI-TOF-MS Based Identification of *Staphylococcus* spp. Isolated from Mobile Phones with their Antibiotic Susceptibility, Biofilm Formation, and Adhesion Properties. *Int. J. Environ. Res. Public Health*; 17(11): 3761.
- Ohara-Nemoto Y, Haraga H, Kimura S, Nemoto T. (2008). Occurrence of staphylococci in the oral cavities of healthy adults and nasal oral trafficking of the bacteria. *J Med Microbiol*; 57(1):95-99.
- Pereira C, Araújo E, Pereira J, Costa K. (2011). Papel de los *Staphylococcus* spp. en la mucositis oral: revisión de la literatura. *Acta Odontol Venez*; 49(3):1-6.
- Petti S, Boss M, Messano G, Protano A & Polimeni A. (2014). High salivary *Staphylococcus aureus* carriage rate among healthy paedodontic patients. *The New Microbiol*; 37(1):91-96.
- Prevost G, Cribier B, Couppe P, Petiau P. y col. (1995). Panton-Valentine Leucocidin and gamma-hemolysin from *Staphylococcus aureus* ATCC 49775 are encoded by distinct genetic loci and have different biological activities. *Infect Immun*. 63(10):4121–9.
- Rodríguez E, Jiménez J. (2015). Factores relacionados con la colonización por *Staphylococcus aureus*. *Iatreia*; 28 (1): 66-77.
- Romero AS, Castellano M, Ginestre M and Perozo A. (2016). Leucocidina de Panton Valentine en cepas SAMR aisladas de pacientes del Hospital Universitario de Maracaibo. *Kasmera*; 44(2): 111-120.
- Romero B, y col. (2017). Comparación bacteriana de 30 piezas de alta velocidad antes y después de ser utilizadas en la Facultad de Odontología Región Veracruz. *Revista ADM*; 74 (4): 185-188.
- Seng R, Kittit T, Thummeepak R, Kongthai P, Leungtongkam U, Wannalerdsakun S y col. (2017). Biofilm formation of methicillin-resistant coagulase negative staphylococci (MR-CoNS) isolated from community and hospital environments. *PLoS One*;12(8).
- Sila J, Sauer P and Kolar M. (2009). Comparison of the prevalence of genes coding for enterotoxins, exfoliatins, Panton-Valentine leukocidin and TSST-1 between methicillin-resistant and methicillin-susceptible isolates of *Staphylococcus aureus* at the university hospital in Olomouc. *Biomed Pap Med*; 153(3):215–218.
- Smith A, Jackson M, Bagg J. (2001). The Ecology of *Staphylococcus* species in the oral cavity. *J Med Microbiol*; 50:940-646.
- Suzuki J, Yoshimura G, Kadomoto N, Kuramoto M, and Kozai K. (2007). Long-term periodical isolation of *Staphylococcus aureus* and methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) from Japanese children's oral cavities. *Pediatric Dent J*; 17(2):127-130.



- Vieira A, Hiller N, Powell E, Hak-Jin L, Spirk T, Modesto A, Kreft R. (2019). Profiling microorganisms in whole saliva of children with and without dental caries. *Clin Exp Dent Res*;1-9.
- Waleed AA. (2019). Detection of the Pantone-Valentine Leukocidin Gene in Swedish Isolates of Methicillin-Resistant *Staphylococcus aureus* using a Multiplex PCR Assay. *Journal of Bacteriology and Parasitology. J Bacteriol Parasitol*; 153(3): 215-8.
- Wang Y, Liu S, Li B, Jiang Y, Zhou X, Chen J, Li M, Ren B, Peng X, Zhou X, Cheng L. (2019). *Staphylococcus aureus* induces COX-2-dependent proliferation and malignant transformation in oral keratinocytes. *J Oral Microbiol*; 11:1-12.