

AISLAMIENTO DE STAPHYLOCOCCUS AUREUS Y ENTEROBACTERIAS EN BARBIJOS UTILIZADOS POR ESTUDIANTES DE MEDICINA: ESTUDIO TRANSVERSAL

ISOLATION OF STAPHYLOCOCCUS AUREUS AND ENTEROBACTERIACEAE FROM FACE MASKS USED BY MEDICAL STUDENTS

¹ Estudiante de 5to año de la Facultad de Medicina "Dr. Aurelio Meleán", Cochabamba, Bolivia

Juan Pablo Fuentes Claros¹, Hermione Belen Rosso Condori¹, Luis Felipe Guzman Verduguez¹, Jessica Helen Mamani Quispe¹, Brenda Dagmar Jiménez Ovando¹

Correspondencia a:

Nombre: Juan Pablo Fuentes Claros
Correo electrónico: juanpablo160602@gmail.com
Telf. y celular: (+591) 75496669
ORCID: <https://orcid.org/0009-0000-9783-6047>

Palabras clave: Enterobacteriaceae, estudiantes de medicina, infecciones bacterianas, mascarillas, *Staphylococcus aureus*.

Keywords: Enterobacteriaceae, medical students, bacterial infections, masks, *Staphylococcus aureus*.

Procedencia y arbitraje: no comisionado, sometido a arbitraje externo.

Recibido para publicación: 31 de marzo de 2026

Aceptado para publicación:

Citar como:

Fuentes Claros JP, Rosso Condori HB, Guzman Verduguez LF, Mamani Quispe JH, Jiménez Ovando BD. Aislamiento de *Staphylococcus aureus* y enterobacterias en barbijos utilizados por estudiantes de medicina. Rev Cient Cienc Med 2026; 29(1): 4-10

RESUMEN

Tras la pandemia de COVID-19, el uso masivo de barbijos despertó interés en los cambios microbiológicos de sus superficies debido al uso prolongado.

Objetivos: Determinar la contaminación bacteriana en barbijos utilizados por estudiantes de medicina mediante el aislamiento e identificación de *Staphylococcus aureus* y bacterias de la familia Enterobacteriaceae. **Métodos:** Estudio descriptivo, cuantitativo de corte transversal en Cochabamba, Bolivia. Se analizaron 18 barbijos quirúrgicos de estudiantes de primer a tercer año de medicina mediante muestreo por conveniencia en julio de 2023. Se realizaron cultivos en agar sangre, tinción de Gram y pruebas bioquímicas para identificación bacteriana. La susceptibilidad antimicrobiana se evaluó mediante difusión en disco según criterios CLSI, incluyendo detección de resistencia a meticilina y Beta-lactamasas de espectro extendido. **Resultados:** 83,3% indicó un uso menor a un día. Se identificaron cocos Gram positivos en todas las muestras [100% (IC95%: 81,5–100)], predominando la familia Staphylococcaceae en 17 barbijos [94,4% (IC95%: 72,7–99,9)] y una cepa resistente a meticilina. Se identificaron bacilos Gram negativos en 33,3% [IC95%: 13,3–59,0] de las muestras, incluyendo enterobacterias, sin detectarse cepas productoras de Beta-lactamasas de espectro extendido. **Conclusiones:** Los barbijos quirúrgicos utilizados por estudiantes de medicina pueden albergar bacterias con resistencia antimicrobiana y enterobacterias, incluso tras períodos cortos de uso. Los hallazgos del estudio no permiten corroborar la hipótesis de una mayor contaminación asociada a un tiempo de uso más prolongado. Las limitaciones del estudio son el reducido tamaño muestral, tipo de muestreo y el diseño transversal que impide establecer relaciones causales.

ABSTRACT

Following the COVID-19 pandemic, the widespread use of face masks raised interest in the microbiological changes occurring on their surfaces during prolonged use. **Objectives:** To determine bacterial contamination in face masks used by medical students through the isolation and identification of *Staphylococcus aureus* and bacteria belonging to the Enterobacteriaceae family. **Methods:** A descriptive, quantitative, cross-sectional study was conducted in Cochabamba, Bolivia. 18 surgical face masks used by first- to third-year medical students were analyzed using convenience sampling in July 2023. Blood agar cultures, Gram staining, and biochemical tests were performed for bacterial identification. Antimicrobial susceptibility was assessed by disk diffusion according to CLSI criteria, including the detection of methicillin resistance and extended-spectrum Beta-lactamase production. **Results:** A total of 83.3% of participants reported using their face mask for less than one day. Gram-positive cocci were identified in all samples [100% (95% CI: 81.5–100)], with the predominance of the Staphylococcaceae family in 17 masks [94.4% (95% CI: 72.7–99.9)] and one methicillin-resistant isolate. Gram-negative bacilli were identified in 33.3% of samples [95% CI: 13.3–59.0], including Enterobacteriaceae, with no extended-spectrum Beta-lactamase-producing strains detected.

Conclusions: Surgical face masks used by medical students may harbor antimicrobial-resistant bacteria and Enterobacteriaceae, even after short periods of use. The findings do not support the hypothesis of greater contamination associated with longer mask use. Study limitations include the small sample size, convenience sampling, and the cross-sectional design, which precludes causal inference.

INTRODUCCIÓN

El uso de mascarillas se ha consolidado como una medida fundamental para reducir la transmisión de enfermedades respiratorias, especialmente tras la pandemia causada por el virus SARS-CoV-2. Estos dispositivos actúan como una barrera física que limita la dispersión de gotículas respiratorias potencialmente infecciosas, disminuyendo el riesgo de transmisión tanto en entornos comunitarios como sanitarios. Debido a su amplio uso, se ha incrementado el interés científico por estudiar los posibles cambios microbiológicos que pueden ocurrir en las superficies de las mascarillas durante su utilización prolongada^{1,2}.

Las mascarillas utilizadas pueden albergar una carga bacteriana significativa con altos recuentos de unidades formadoras de colonias por mascarilla, lo que refleja la capacidad de estos dispositivos para acumular microorganismos provenientes de la microbiota respiratoria, cutánea o del ambiente. Entre los microorganismos más frecuentemente aislados en mascarillas utilizadas destacan bacterias del género *Staphylococcus*, que forman parte de la microbiota habitual de la piel y de la cavidad nasal, pero también pueden actuar como patógenos oportunistas capaces de causar infecciones cutáneas, respiratorias o sistémicas, lo que convierte a los barbijos en superficies de colonización bacteriana que disminuyen su efectividad, permitiendo mayor penetración de microorganismos con un mayor tiempo de uso^{2,5}.

Además de bacterias Gram positivas, existen bacterias Gram negativas, que incluyen microorganismos pertenecientes a la familia Enterobacteriaceae. Entre los géneros identificados con mayor frecuencia se encuentran *Escherichia*, *Enterobacter* y *Klebsiella*, los cuales poseen relevancia clínica debido a su potencial patógeno y a la creciente aparición de mecanismos de resistencia antimicrobiana en estos microorganismos^{3,6}.

Debido a la evidencia de una mayor colonización bacteriana asociada al tiempo de uso y a la manipulación frecuente de las mascarillas^{3,4}, resulta relevante evaluar este fenómeno en estudiantes de medicina, una población que utiliza barbijos de manera prolongada durante actividades académicas y asistenciales, para la cual existe escasa evidencia local. La identificación de microorganismos

potencialmente patógenos en estos dispositivos podría aportar información útil para fortalecer las recomendaciones sobre su uso y recambio. Se planteó la hipótesis de que los barbijos utilizados durante mayor tiempo presentarían una mayor contaminación bacteriana, evidenciada por una mayor frecuencia de aislamiento de *Staphylococcus aureus* y bacterias de la familia Enterobacteriaceae.

En este contexto, el objetivo del presente estudio fue demostrar la contaminación bacteriana en barbijos utilizados por estudiantes de medicina, mediante el aislamiento e identificación de *Staphylococcus aureus* y bacterias pertenecientes a la familia Enterobacteriaceae.

MATERIALES Y MÉTODOS

Se realizó un estudio descriptivo, cuantitativo y de corte transversal, con recolección, procesamiento microbiológico y de datos entre julio y septiembre del 2023. El universo de estudio estuvo constituido por estudiantes de primer a tercer año de la carrera de medicina en una facultad de medicina en Cochabamba, Bolivia quienes fueron considerados debido a la mayor accesibilidad durante el período de recolección de muestras **Figura 1**. Los participantes fueron seleccionados entre los estudiantes presentes al momento de la recolección, sin considerar características adicionales y el tamaño muestral (n=18) no fue determinado mediante cálculo estadístico previo, sino por la disponibilidad de recursos y el carácter exploratorio del estudio (muestreo por conveniencia).

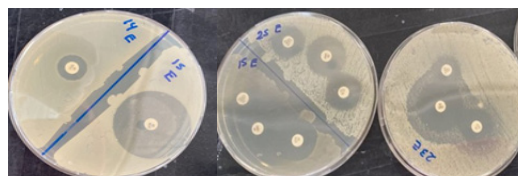


Figura 1. Antibiógrama por método de difusión de disco para la evaluación de susceptibilidad

Se incluyeron en el estudio barbijos utilizados por estudiantes pertenecientes al universo de estudio, y excluyendo barbijos de tela u otro tipo que no fueran barbijos quirúrgicos además de aquellos con deterioro estructural evidente como roturas, desgarros y manchas visibles tanto en la cara interna como externa. Los estudiantes participantes autorreportaron

el tiempo aproximado de uso del barbijo al momento de la recolección, clasificándose en cuatro categorías: menos de un día, dos días, tres días y más de tres días de uso.

Para minimizar el riesgo de contaminación externa durante la toma y procesamiento de muestras, los barbijos fueron manipulados únicamente por los extremos elásticos, habiendo tomado previamente medidas de asepsia como lavado de manos y desinfección de la superficie de trabajo. Posteriormente, para el análisis microbiológico se realizó un corte triangular en la región central de cada barbijo, utilizando instrumental previamente esterilizado. Cada cara del fragmento obtenido fue presionada sobre placas de agar sangre previamente divididas en cuadrantes para permitir la siembra de las muestras. Las placas fueron incubadas en estufa bacteriológica a 37 °C durante 72 horas, con el objetivo de favorecer el crecimiento bacteriano.

Las colonias que presentaron características macroscópicas diferenciables fueron subcultivadas en agar Müller-Hinton con el fin de obtener aislamientos bacterianos puros. Posteriormente se realizó tinción de Gram para la caracterización morfológica inicial de los microorganismos.

Las colonias con cocos Gram positivos fueron sometidas a prueba de catalasa y prueba de coagulasa, para su clasificación como *Staphylococcus aureus*.

Las colonias con bacilos Gram negativos fueron sembradas en medios TSI y Chromagar, incubándose a 37 °C durante aproximadamente 14 horas. Las colonias compatibles con enterobacterias fueron sometidas a una batería de pruebas bioquímicas para su identificación a nivel de género y especie.

Las cepas identificadas como *Staphylococcus aureus* y *Escherichia coli* fueron posteriormente evaluadas mediante pruebas de susceptibilidad antimicrobiana por el método de difusión en disco (Kirby-Bauer). Para la detección de resistencia a metilicina en *Staphylococcus aureus* se utilizaron discos de cefoxitina (30 µg) en agar Müller-Hinton. En el caso de *Escherichia coli*, se evaluó la posible producción de β-lactamasas de espectro extendido (BLEE) mediante discos de amoxicilina/ácido clavulánico, cefotaxima y ceftazidima. La interpretación de los halos de inhibición se realizó de acuerdo con los criterios establecidos por el Clinical and Laboratory

Standards Institute (CLSI). **Ilustración 1.**

Los datos obtenidos fueron organizados y analizados en Microsoft Excel®, utilizando estadística descriptiva mediante frecuencias absolutas y relativas (porcentajes) para describir la distribución de los microorganismos identificados. Adicionalmente, se calcularon intervalos de confianza del 95% para las proporciones mediante el método binomial exacto (Clopper–Pearson), con el fin de estimar la precisión de las frecuencias observadas debido al tamaño muestral reducido.

La investigación se desarrolló respetando los principios de confidencialidad y anonimato de los participantes, y la información obtenida fue utilizada exclusivamente con fines académicos y de investigación.

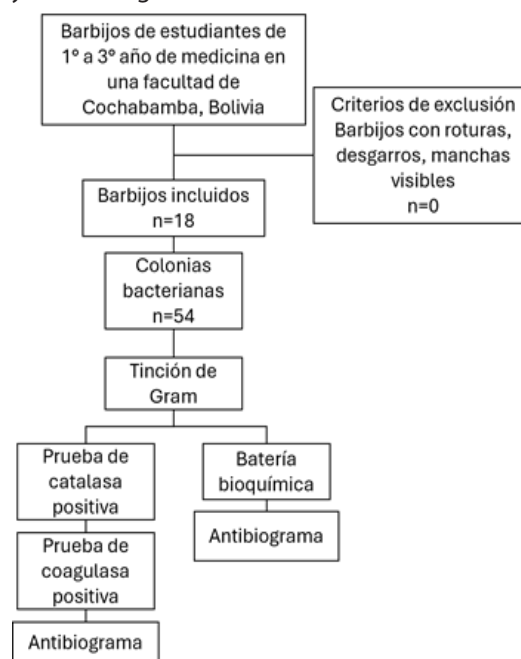


Ilustración 1. Flujograma de procesamiento de los barbijos recolectados de estudiantes de medicina

RESULTADOS

Según el autorreporte de los participantes, la mayoría (83,3%) indicó un uso menor a un día. Del total de 18 barbijos analizados, se identificó contaminación bacteriana en el 100% de las muestras, de las cuales se obtuvieron 54 colonias bacterianas.

Los aislamientos demostraron presencia de cocos Gram positivos en todas las muestras [100% (IC95%: 81,5–100)]. Dentro de este grupo, predominó la familia Staphylococcaceae, identificada en 17 de los

18 barbijos [94,4% (IC95%: 72,7-99,9)], dentro de la que se evidenció una cepa con resistencia antimicrobiana correspondiente a un barbijo con reporte de uso menor a un día. (Tabla 1).

En un caso (1/18), se identificó un coco Gram positivo catalasa negativo [5,6% (IC95%: 0,1-27,3)], compatible con otros géneros distintos a *Staphylococcus*, probablemente pertenecientes a Streptococcaceae.

Asimismo, la frecuencia relativa de bacilos Gram negativos fue de 33,3% [IC95%: 13,3-59,0], incluyendo bacterias pertenecientes a la familia Enterobacteriaceae. Sin embargo, no se detectaron cepas productoras de β -lactamasas de espectro extendido (BLEE). De los barbijos contaminados con enterobacterias, dos fueron reportados como utilizados por tres días y los cuatro restantes como utilizados por menos de un día.

Adicionalmente, se observaron otras morfologías bacterianas Gram positivas y Gram negativas en una proporción relevante de las muestras, aunque no todas fueron identificadas a nivel de género o especie debido al alcance del estudio.

DISCUSIÓN

Los resultados del presente estudio evidencian que los barbijos quirúrgicos utilizados por estudiantes de medicina constituyen un sustrato para la colonización bacteriana, incluso tras períodos cortos de uso. A pesar de que la mayoría de los participantes reportó un tiempo de utilización menor a un día se logró aislar un número considerable de colonias bacterianas, lo cual sugiere que la contaminación microbiana puede ocurrir de manera temprana. Este hallazgo es consistente con lo descrito por Chughtai AA et al. (2020), donde se señala que el uso comunitario de barbijos favorece la acumulación de microorganismos provenientes tanto del ambiente como de la microbiota del usuario al momento de retirarlos o si no se toman las medidas de descontaminación adecuadamente⁶.

El predominio de estafilococos coagulasa negativos observado coincide con lo expuesto por Michels et al. (2021) y Magnan et al. (2025) que describen a estos microorganismos como parte habitual de la microbiota cutánea y

Tabla 1. Identificación microbiológica y perfil de resistencia antimicrobiana de bacterias aisladas en barbijos de estudiantes de medicina

ESPECIE BACTERIANA	Total = 18 barbijos n (%)	IC 95%
Cocos Gram positivos		
Catalasa positivos	17 (94,4)	72,7-99,9
Estafilococos coagulasa negativos	15 (83,3)	58,6-96,4
<i>Staphylococcus aureus</i>		
SAMR	1 (5,6)	0,1-27,3
Sensible a meticilina	1 (5,6)	0,1-27,3
Cocos Gram negativos	14 (77,8)	52,4-93,6
Bacilos Gram negativos		
<i>Escherichia coli</i>	1 (5,6)	0,1-27,3
<i>Enterobacter</i> sp.	1 (5,6)	0,1-27,3
<i>Morganella</i> sp.	1 (5,6)	0,1-27,3
<i>Providencia</i> sp.	1 (5,6)	0,1-27,3
Enterobacteriaceae no identificada	1 (5,6)	0,1-27,3
Bacilo Gram negativo no Enterobacteriaceae	1 (5,6)	0,1-27,3
Bacilos Gram positivos	1 (5,6)	0,1-27,3

Nota: n = número de barbijos contaminados con el microorganismo indicado (porcentaje con respecto al total de barbijos). SAMR: *Staphylococcus aureus* resistente a meticilina.

respiratoria superior además de destacar su patogenicidad, siendo frecuentemente aislados en superficies en contacto con la piel^{7,8}. En este sentido, en estudios recientes Kisielinski K et al. (2024) y Nightingale M et al. (2023) han demostrado que los barbijos actúan como reservorios de bacterias comensales, con predominio de especies del género *Staphylococcus*, lo cual respalda los resultados obtenidos^{9,10}. Aunque tradicionalmente son considerados de baja virulencia, estos microorganismos pueden adquirir relevancia clínica en contextos específicos, particularmente en individuos inmunocomprometidos o en entornos hospitalarios.

La identificación de *Staphylococcus aureus*, incluyendo un aislamiento resistente a meticilina (SAMR), reviste especial importancia. Este hallazgo sugiere que los barbijos no solo pueden albergar microbiota comensal, sino también patógenos potencialmente virulentos y con perfiles de resistencia antimicrobiana relevantes. En concordancia, Ostrowski et al. (2023)¹¹ reportaron que el uso de mascarillas en entornos hospitalarios podría facilitar la transmisión de *Staphylococcus aureus* ya que se encontraron dichos microorganismos en barbijos de no portadores gracias a la contaminación cruzada, especialmente cuando no se realiza un recambio adecuado. La presencia de SAMR, aunque limitada a un solo barbijo en este estudio, plantea implicaciones importantes en términos de bioseguridad ya que pertenecía a un estudiante de primer año con reporte de uso menor a un día.

Aunque la carga bacteriana tiende a aumentar con el tiempo de uso, las bacterias que colonizan los barbijos en etapas tempranas también pueden incluir microorganismos con potencial patógeno y, por tanto, no deben considerarse irrelevantes. En este sentido, el aislamiento de enterobacterias como *Escherichia coli*, *Enterobacter*, *Morganella* y *Providencia* sugiere una posible contaminación por manipulación inadecuada de los barbijos o por contacto con superficies contaminadas. Estos resultados son concordantes con lo reportado por Park et al. (2022)¹², quienes evidenciaron la presencia de bacterias tanto de origen cutáneo como entérico en mascarillas utilizadas durante la pandemia de COVID-19. Si bien en el presente estudio no se identificaron cepas productoras de BLEE, la detección de este tipo

de microorganismos resalta la necesidad de reforzar medidas de higiene, particularmente el lavado de manos antes y después de manipular el barbijo.

Un aspecto relevante a considerar es que, aunque la mayoría de los barbijos fueron utilizados por menos de un día, se observó una diversidad bacteriana considerable. Esto podría explicarse por factores como la humedad generada por la respiración, la temperatura y la acumulación de secreciones, condiciones que favorecen la viabilidad bacteriana. En este sentido, Shimamura et al. (2025)¹³ demostraron que la supervivencia bacteriana en mascarillas está influenciada por variables ambientales y por las características del material, lo que podría explicar la rápida colonización.

Asimismo, los hallazgos respaldan la noción de que el uso inadecuado o prolongado de barbijos podría representar un riesgo potencial, no necesariamente por alterar parámetros fisiológicos como el equilibrio ácido-base, según lo reportado por Ostrowski et al. (2023) sino por su papel como posibles vectores de microorganismos¹¹. Adicionalmente, Ding G et al. (2023) señalaron que la acumulación bacteriana podría favorecer la penetración de microorganismos a través del material filtrante, reduciendo potencialmente la efectividad de la mascarilla durante su uso prolongado². Esto refuerza la importancia de promover prácticas adecuadas, como el recambio frecuente de mascarillas, la correcta manipulación y su almacenamiento en condiciones higiénicas.

Entre las limitaciones del estudio se encuentran el reducido tamaño muestral (N=18), lo cual limita la generalización de los resultados y su extrapolación. Debido al empleo de un muestreo no probabilístico por conveniencia, existe la posibilidad de sesgo de selección, ya que los participantes podrían no ser representativos de toda la población de estudio.

Además, el diseño transversal impide establecer relaciones causales entre el tiempo de uso de los barbijos y el grado de contaminación microbiológica observado.

No obstante, el estudio destaca información relevante. Aporta evidencia local sobre la contaminación bacteriana de barbijos en una población poco estudiada, en la cual se encontraron bacterias resistentes a antimicrobianos y bacterias ajenas a microbiota

normal de la piel con potencial patógeno, situación que puede no verse en otras áreas como es el caso de Osman B et al. (2026) quienes, a diferencia de esta investigación, no reportaron enterobacterias en su población de estudio (empleados de una institución estatutaria)¹⁴. Además, se aclara que si bien el tiempo de uso incrementa la contaminación bacteriana, pueden existir bacterias con potencial patógeno como enterobacterias desde cortos períodos de uso.

Sin embargo, los resultados deben interpretarse con cautela al extrapolarlos a otras poblaciones o contextos, debido a que los estudiantes de medicina presentan características particulares relacionadas con hábitos de higiene, exposición a entornos clínicos y uso frecuente de equipos de protección personal. Aun así, los hallazgos pueden servir como base para futuras investigaciones en otros grupos comunitarios y ocupacionales donde el uso de mascarillas sea habitual.

CONCLUSIÓN

En conclusión, los barbijos quirúrgicos utilizados por estudiantes de medicina pueden albergar una diversidad de microorganismos, incluyendo estafilococos coagulasa negativos, *Staphylococcus aureus* resistente a meticilina y enterobacterias con potencial patógeno, incluso tras períodos cortos de uso. Estos hallazgos confirman la presencia de contaminación bacteriana en los barbijos analizados; sin embargo, no permiten corroborar la hipótesis de una mayor contaminación asociada a un tiempo de uso más prolongado. La detección de microorganismos potencialmente patógenos y resistentes a antimicrobianos resalta la importancia de una adecuada manipulación y recambio de los barbijos para reducir el riesgo de contaminación microbiológica.

Agradecimientos: Expresamos nuestro agradecimiento a la doctora Adriana Santa Cruz por su valioso apoyo, orientación y acompañamiento durante el procedimiento y análisis de las muestras, así como por su motivación para el desarrollo de esta investigación.

REFERENCIAS

1. Clase CM, Fu EL, Ashur A, Beale RC, Clase IA, Dolovich MB, et al. **Forgotten Technology in the COVID-19 Pandemic: Filtration Properties of Cloth and Cloth Masks-A Narrative Review.** Mayo Clin Proc. 2020;95:2204-24. doi:[10.1016/j.mayocp.2020.07.020](https://doi.org/10.1016/j.mayocp.2020.07.020).
2. Ding G, Li G, Liu M, Sun P, Ren D, Zhao Y, et al. **Bacterial contamination of medical face mask wearing duration and the optimal wearing time.** Front Cell Infect Microbiol. 2023;13:1231248. doi:[10.3389/fcimb.2023.1231248](https://doi.org/10.3389/fcimb.2023.1231248).
3. Zhiqing L, Yongyun C, Wenxiang C, Mengning Y, Yuanqing M, Zhenan Z, et al. **Surgical masks as source of bacterial contamination during operative procedures.** J Orthop Translat. 2018;14:57-62. doi:[10.1016/j.jot.2018.06.002](https://doi.org/10.1016/j.jot.2018.06.002).
4. Bitoliliti EN, Mutai MJ, Njeru EM, Oyore JP, Neondo J, Awuor K, et al. **Bacteria contamination and antibiotic resistance profile on worn reusable facemasks in Githurai Market, Kenya.** Int J Food Sci Biotechnol. 2025;10(2):33-48. doi:[10.11648/j.ijfsb.20251002.12](https://doi.org/10.11648/j.ijfsb.20251002.12).
5. Klompas M, Baker M, Rhee C. **What Is an Aerosol-Generating Procedure?** JAMA Surg. 2021;156(2):113-4. doi:[10.1001/jamasurg.2020.6643](https://doi.org/10.1001/jamasurg.2020.6643).
6. Chughtai AA, Seale H, MacIntyre CR. **Effectiveness of Cloth Masks for Protection Against Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2.** Emerg Infect Dis. 2020;26(10):e200948. doi:[10.3201/EID2610.200948](https://doi.org/10.3201/EID2610.200948).
7. Michels R, Last K, Becker SL, Papan C. **Update on Coagulase-Negative Staphylococci-What the Clinician Should Know.** Microorganisms. 2021;9(4):830. doi:[10.3390/microorganisms9040830](https://doi.org/10.3390/microorganisms9040830).
8. Magnan C, Plumet L, Morsli M, Dunyach-Remy C, Pouget C, Sotto A, et al. **A narrative review of coagulase-negative staphylococci in diabetic foot infections.** Clin Microbiol Rev. 2025;38(4):e00121-25. doi:[10.1128/cmr.00121-25](https://doi.org/10.1128/cmr.00121-25).
9. Kisielinski K, Wojtasik B, Zalewska A, Livermore DM, Jurczak-Kurek A. **The bacterial burden of worn face masks-observational research and literature review.** Front Public Health. 2024;12:1460981. doi:[10.3389/fpubh.2024.1460981](https://doi.org/10.3389/fpubh.2024.1460981).
10. Nightingale M, Mody M, Rickard AH, Cassone M. **Bacterial contamination on used face masks among nursing home healthcare personnel.** Antimicrob Steward Healthc Epidemiol. 2023;3(1):e54. doi:[10.1017/ash.2023.130](https://doi.org/10.1017/ash.2023.130).
11. Ostrowski P, Masiuk H, Kulig P, Skoryk A, Wcislek A, Jursa-Kulesza J, et al. **Medical Face Masks Do Not Affect Acid-Base Balance Yet Might Facilitate the Transmission of Staphylococcus aureus in Hospital Settings during the COVID-19 Pandemic.** Int J Environ Res Public Health. 2023;20(3):2474. doi:[10.3390/ijerph20032474](https://doi.org/10.3390/ijerph20032474).
12. Park AM, Khadka S, Sato F, Omura S, Fujita M, Hashiwaki K, et al. **Bacterial and fungal isolation from face masks under the COVID-19 pandemic.** Sci Rep. 2022;12:11361. doi:[10.1038/s41598-022-15409-x](https://doi.org/10.1038/s41598-022-15409-x).
13. Shimamura Y, Ozaki M, Shinya M, Oishi R, Komuro M, Sasaki K, et al. **Factors influencing bacterial viability**

on face masks and bactericidal effect of disinfection methods. Sci Rep. 2025;15:24357. doi:[10.1038/s41598-025-09204-7](https://doi.org/10.1038/s41598-025-09204-7).

14. Osman B, Mahmud H, Mazlan SM, Aqma WS. **Assessment of bacterial contamination and health risks associated with prolonged use of face masks in industry settings.** Malays Appl Biol. 2026;55(1):19-27. doi:[10.55230/mabjournal.v55i1.3405](https://doi.org/10.55230/mabjournal.v55i1.3405).