

Universidad Autónoma de Sinaloa
Colegio de Ciencias Agropecuarias
Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia
Maestría en Ciencias Agropecuarias



TESIS:

“Similitud genética de *Salmonella* Anatum aislada de cerdos, pacientes clínicos y medio ambiente en Sinaloa, México; y Análisis bibliométrico de la producción científica sobre *Salmonella* spp. en cerdos (2000–2024)”

**QUE PARA OBTENER EL GRADO DE MAESTRO EN CIENCIAS
AGROPECUARIAS**

PRESENTA

MVZ. Carlos Joaquin Vargas Valdez

DIRECTOR DE TESIS:

Dr. Horacio Dávila Ramos

CO-DIRECTOR DE TESIS

Dr. Alberto Garfio Romero

CULIACÁN, SINALOA, MÉXICO; AGOSTO DE 2025



Universidad Autónoma de Sinaloa

Dirección General de Bibliotecas

Repositorio Institucional Buelna

Restricciones de uso

Todo el material contenido en la presente tesis está protegido por la Ley Federal de Derechos de Autor (LFDA) de los Estados Unidos Mexicanos (México).

Queda prohibido la reproducción parcial o total de esta tesis. El uso de imágenes, tablas, gráficas, texto y demás material que sea objeto de los derechos de autor, será exclusivamente para fines educativos e informativos y deberá citar la fuente correctamente mencionando al o los autores del presente estudio empírico. Cualquier uso distinto, como el lucro, reproducción, edición o modificación sin autorización expresa de quienes gozan de la propiedad intelectual, será perseguido y sancionado por el Instituto Nacional de Derechos de Autor.

Esta obra está bajo una Licencia [Creative Commons Attribution-NonCommercial-NoDerivatives 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/)



Dirección General de Bibliotecas
Ciudad Universitaria
Av. de las Américas y Blvd.
Universitarios
C.P. 80010 Culiacán Sin. Méx.
Tel (667) 713 78 32 y
(667) 712 50 57
dgbuas@uas.edu.mx

DEDICATORIA

A mi familia y a mi novia, por ser la base de todo lo que soy. Gracias por su amor, sacrificios y enseñanzas, que me han dado la fuerza para llegar hasta aquí. Por su paciencia, apoyo y cariño en cada paso. Gracias por creer en mí.

Este logro no es solo mío, también es de ustedes.

.

AGRADECIMIENTOS

A mi madre Silvia P. Valdez O. y mi padre Juan Carlos Vargas L., este logro es el reflejo de todo lo que me han enseñado y del apoyo que siempre me han brindado. A ustedes les debo cada paso alcanzado y con todo mi corazón les dedico este triunfo.

A mi novia Andrea Valle C., por ser mi compañera en este camino, por su amor, comprensión y paciencia en cada momento. Gracias por motivarme a seguir adelante y por celebrar conmigo cada pequeño logro. Tu apoyo ha sido fundamental para alcanzar esta meta y este triunfo que también es tuyo.

A la Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia de la Universidad Autónoma de Sinaloa, por brindarme la formación académica, los recursos y el espacio necesarios para desarrollar mis conocimientos y habilidades. Gracias a sus docentes, Dr. Alberto Garfio Romero y M.C. Margarita Dávila Paredes quienes con su dedicación y experiencia sembraron en mí el interés por aprender. A mi director de tesis y asesores, Dr. Horacio Dávila Ramos, Dra. Silvia C. Cota Guajardo, Dr. Alberto Garfio Romero, M.C. Margarita Dávila Paredes y M.C. Saúl Beltrán Fernández por su invaluable guía, paciencia y dedicación a lo largo de este proceso. Gracias por compartir su conocimiento, por su orientación constante y por motivarme a superar cada reto académico.

Al Centro de Investigación Epidemiológica de Sinaloa (CIES) del Hospital General de Culiacán “Dr. Bernardo J. Gastélum”, por abrirme sus puertas y brindarme la oportunidad de desarrollarme en un entorno académico y profesional. Agradezco la disposición de todo su personal, así como los recursos y el apoyo que facilitaron la realización de esta investigación. Su colaboración fue fundamental para el logro de este trabajo. Gracias M.C. Saúl Beltrán Fernández y Dra. Aída de Lourdes Simental Ocegüera.

A la Secretaría de Ciencia, Humanidades, Tecnología e Innovación (SECIHTI) por el apoyo económico otorgado para la realización de mis estudios de maestría.

CONTENIDO

ÍNDICE DE CUADROS	8
ÍNDICE DE FIGURAS	9
CAPITULO I. REVISIÓN DE LITERATURA	10
1.1 Producción de carne de cerdo	10
1.2 Generalidades de <i>Salmonella</i>	13
1.3 Historia de <i>Salmonella</i>	13
1.4 Morfología	14
1.5 Clasificación	14
1.6 Islas de patogenicidad.....	15
1.7 Fisiopatología.....	15
1.8 Gen <i>invA</i>	16
1.9 Esquema Kauffmann-White	17
1.10 Electroforesis en gel de campo pulsado	17
1.11 Aspectos epidemiológicos y factores de riesgo en cerdos	18
1.12 Aspectos epidemiológicos y factores de riesgo en seres humanos	18
1.13 Estudios bibliométricos.....	19
1.14 Etapas de los estudios bibliométricos.....	20
CAPITULO II. ANÁLISIS BIBLIOMÉTRICO DE LA PRODUCCIÓN CIENTÍFICA SOBRE <i>SALMONELLA</i> SPP. EN CERDOS (2000–2024)	21
RESUMEN.....	21
ABSTRACT.....	22
2.1 INTRODUCCIÓN.....	23
2.2 JUSTIFICACIÓN	24
2.3 OBJETIVOS.....	25
Objetivo general:.....	25
2.4 METODOLOGÍA.....	26
2.4.1 Estrategias de búsqueda.....	26
2.4.2 Análisis estadístico	26
2.5 RESULTADOS	27

2.6 DISCUSIÓN.....	33
2.7 CONCLUSIONES.....	35
CAPITULO III. SIMILITUD GENÉTICA DE <i>SALMONELLA</i> ANATUM AISLADA DE CERDOS, PACIENTES CLÍNICOS Y MEDIO AMBIENTE EN SINALOA, MÉXICO	36
RESUMEN.....	36
ABSTRACT.....	37
3.1 INTRODUCCIÓN.....	38
3.2 JUSTIFICACIÓN	39
3.3 HIPÓTESIS.....	40
3.4 OBJETIVOS.....	41
Objetivo general:.....	41
Objetivos específicos:.....	41
3.5 METODOLOGÍA.....	42
3.5.1 Tipo de estudio	42
3.5.2 Universo de estudio.....	42
3.5.3 Criterios de inclusión y exclusión	42
3.5.4 Criterios de exclusión	43
3.5.5 Especificación de variables	43
3.5.6 Procedencia de las muestras.....	44
3.5.7 Reactivación de las cepas.....	45
3.5.8 Extracción de ADN	45
3.5.9 Identificación del gen <i>invA</i> en <i>Salmonella</i> a través de PCR.....	45
3.5.10 Serotipificación	46
3.5.11 Análisis de similitud genética por PFGE.....	46
3.5.12 Análisis estadístico	47
3.6 RESULTADOS	48
3.7 DISCUSIÓN.....	53
3.8 CONCLUSIONES.....	55
IV. LITERATURA CITADA	56
V. ANEXOS	65

ÍNDICE DE CUADROS

Cuadro	Título	Página
1	Principales países productores de carne de cerdo	10
2	Artículos con mayor impacto en el estudio de <i>Salmonella</i> en cerdos.....	28
3	Operacionalización de variables.....	42
4	Características de aislamiento (tipo de muestra, origen, fórmula antigénica) <i>Salmonella</i> Anatum obtenidas de muestras ambientales y pacientes clínicos.	50
5	Características de aislamiento (tipo de muestra, origen, fórmula antigénica) <i>Salmonella</i> anatum obtenidas de cerdos.....	51

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura	Título	Página
1	Representación mundial de la producción de carne de cerdo.....	9
2	Principales entidades productoras de carne de cerdo en México.....	11
3	Producción de carne de cerdo en el estado de Sinaloa.....	12
4	Producción científica anual de <i>Salmonella</i> spp. en cerdos WoS y Scopus entre los años 2000 y 2024.....	26
5	Afiliaciones con mayor producción de artículos de <i>Salmonella</i> spp. en cerdos WoS y Scopus entre los años 2000 y 2024.....	27
7	Autores con mayor producción de artículos de <i>Salmonella</i> spp. en cerdos WoS y Scopus entre los años 2000 y 2024..	29
8	Países mayor producción de artículos de <i>Salmonella</i> spp. en cerdos WoS y Scopus entre los años 2000 y 2024.....	30
9	Palabras clave con mayor relevancia en <i>Salmonella</i> spp. en cerdos WoS y Scopus.....	31
10	Características típicas de aislamientos de <i>Salmonella</i> spp. mediante XLT4.....	47
11	Productos de PCR del gen <i>invA</i> de muestras de cerdos en gel de agarosa 1.5% teñido con GelRed 3x.....	48
12	Dendrograma de <i>Salmonella</i> Anatum mediante la digestión enzimática <i>Xba</i> I por PFGE de muestras de cerdos, pecientes clínicos y medio ambiente de año 2009-2018.....	49

CAPITULO I. REVISIÓN DE LITERATURA

1.1 Producción de carne de cerdo

Departamento de Agricultura de los Estados Unidos estimó que la producción de carne de cerdo fue de 116.02 millones de toneladas durante el 2024/2025 (figura 1). Esta producción se ve dominada por China que representa el 49% de la producción mundial con 56.75 millones de toneladas, le sigue la Unión Europea, con una participación del 18% y una producción total de 21.25 millones de toneladas, en tercer lugar, Estados Unidos aporta el 11% de la producción global, alcanzando 12.68 millones de toneladas. Brasil y Rusia contribuyen cada uno con un 4%, con producciones de 4.5 y 4.14 millones de toneladas respectivamente. Vietnam representa el 3% del total mundial, con 3.66 millones de toneladas, mientras que Canadá aporta el 2% con 2.09 millones de toneladas. México, Corea del Sur y Japón tienen participaciones menores, cada uno con alrededor del 1% de la producción global. México alcanza 1.59 millones de toneladas, Corea del Sur 1.45 millones, y Japón 1.32 millones (cuadro 1).

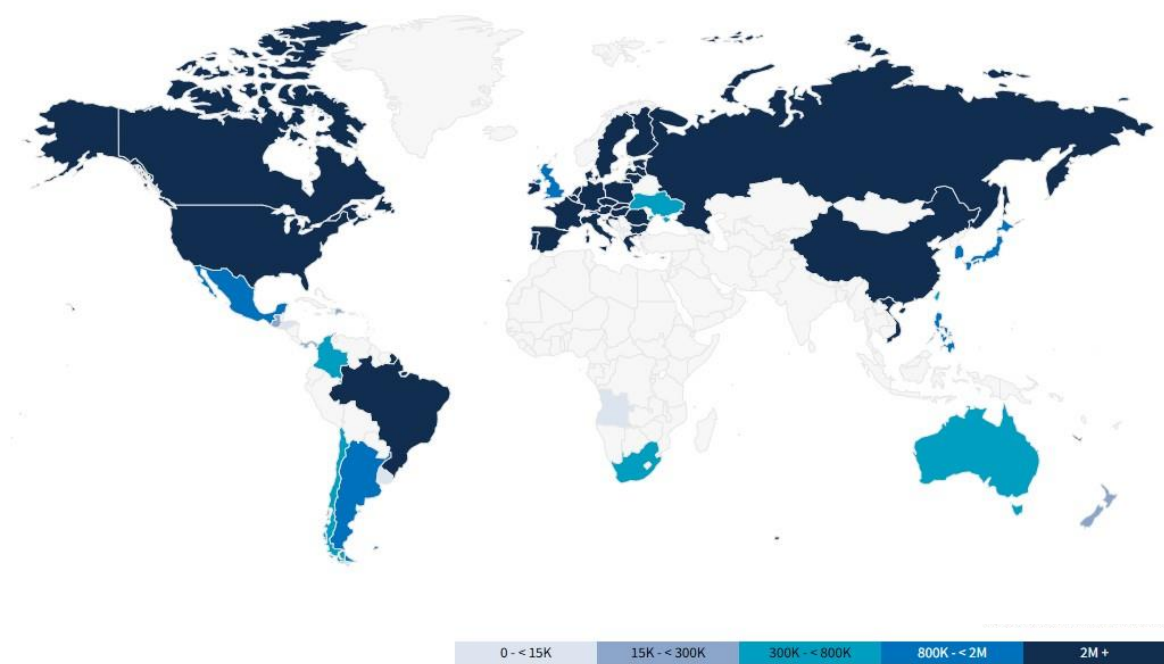


Figura 1. Representación mundial de la producción de carne de cerdo.

Cuadro 1. Principales países productores de carne de cerdo.

País	% Global de producción	Producción total (2024/2025, toneladas)
China	49 %	56.75 millones
Unión Europea	18 %	21.25 millones
Estados Unidos	11 %	12.68 millones
Brasil	4 %	4.5 millones
Rusia	4 %	4.14 millones
Vietnam	3 %	3.66 millones
Canadá	2 %	2.09 millones
México	1 %	1.59 millones
Corea del Sur	1 %	1.45 millones
Japón	1 %	1.32 millones

El Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera (SIAP) a través del Anuario Estadístico de la Producción Ganadera informa que la producción de carne de cerdo en México tuvo un total de 1,768,525.21 toneladas a nivel nacional durante el 2023. Dentro de este sector, algunos estados destacan significativamente por su contribución a la industria porcina. Jalisco lidera la producción con 411,680.58 toneladas, seguido por Sonora con 314,095.51 toneladas y Puebla con 187,935.78 toneladas. Estos tres estados representan una parte fundamental de la producción nacional, consolidándose como los principales productores del país (figura 2). Otros estados con una producción destacada incluyen Yucatán (166,132.01 toneladas), Veracruz (161,911.06 toneladas) y Guanajuato (140,169.16 toneladas), los cuales también juegan un papel clave en el abastecimiento de carne de cerdo. En contraste, los estados con menor producción de carne de cerdo son Baja California (1,131.05 toneladas), Baja California Sur (1,123.39 toneladas) y la Ciudad de México (1,616.34 toneladas), donde la actividad porcina tiene un impacto reducido en comparación con otras regiones. El sector porcícola en México sigue creciendo, impulsado por la demanda interna y las oportunidades de exportación. La

concentración de la producción en ciertos estados refleja factores como la infraestructura agropecuaria, las condiciones climáticas y la inversión en tecnología y sanidad animal.

La producción de carne de cerdo en el estado de Sinaloa se concentra en distintos municipios, destacando Ahome como el principal productor con 5,851.14 toneladas, seguido por Culiacán con 5,278.32 toneladas y Mocorito con 2,880.43 toneladas. Otros municipios con una producción considerable incluyen Mazatlán (1,431.79 toneladas), El Fuerte (1,416.46 toneladas) y Guasave (945.93 toneladas), reflejando la importancia de la porcicultura en estas regiones. En niveles más bajos de producción se encuentran Navolato (623.27 toneladas), Choix (518.20 toneladas), Sinaloa (264.71 toneladas) y Salvador Alvarado (262.87 toneladas). Mientras que municipios como Angostura, Rosario, Escuinapa, Elota, San Ignacio, Cosalá y Concordia presentan cifras menores, con producciones por debajo de las 200 toneladas (figura 3).

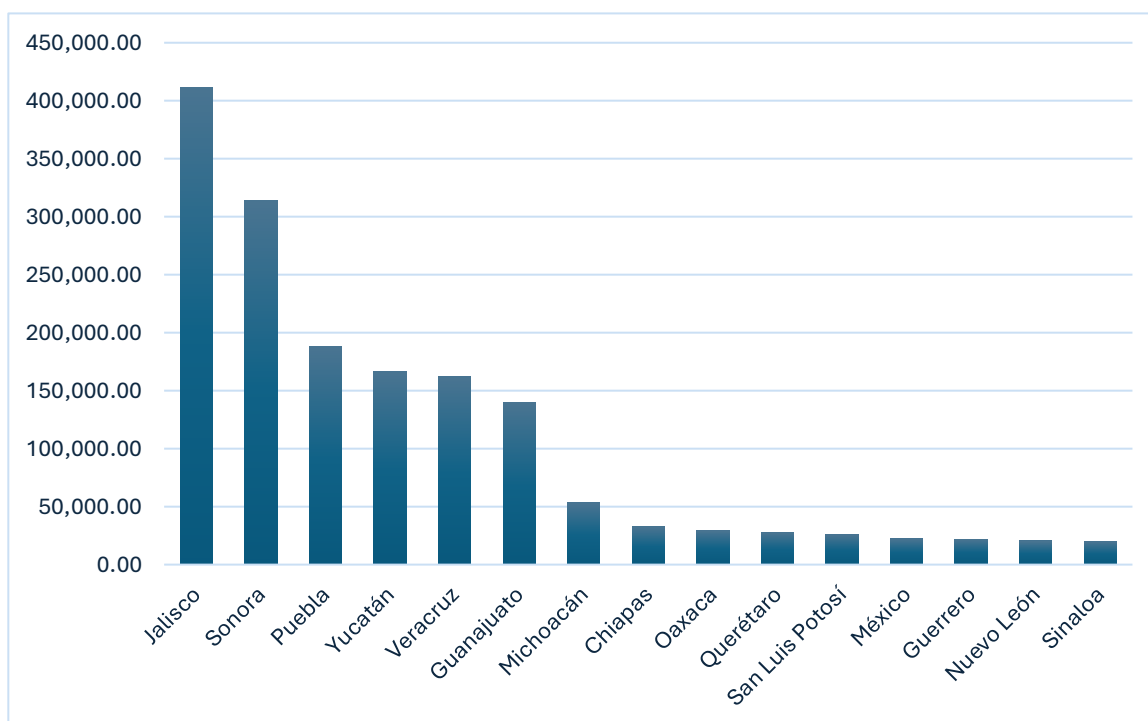


Figura 2. Principales entidades productoras de carne de cerdo en México.

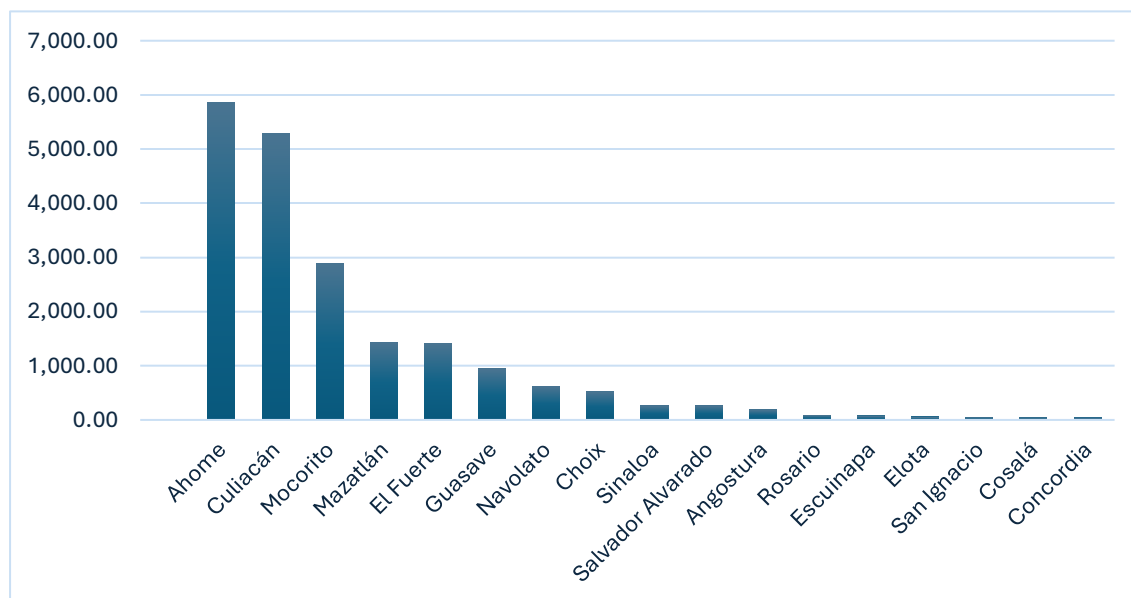


Figura 3. Producción de carne de cerdo en el estado de Sinaloa.

1.2 Generalidades de *Salmonella*

El género *Salmonella* está compuesto por un grupo de bacterias con forma de bacilo, Gram negativas y facultativamente anaerobias, pertenecientes a la familia *Enterobacteriaceae* (Brown *et al.*, 2021). *Salmonella* es un patógeno de gran relevancia en el mundo, transmitido a través del consumo de agua o alimentos contaminados, y que puede provocar diversas enfermedades, desde gastroenteritis hasta bacteriemia y fiebre tifoidea (Winfield y Groisman, 2004). De los más de 2,600 serotipos/serovares identificados hasta el momento, algunos presentan una adaptación específica a un solo huésped, mientras que la mayoría tienen la capacidad de infectar diversas especies y están relacionados con enfermedades en el ganado y en los humanos (Han *et al.*, 2024).

1.3 Historia de *Salmonella*

Desde el siglo XV, con la llegada de los conquistadores a México, la *Salmonella* ha sido una enfermedad que afecta la salud de la población. Su impacto más grave ocurrió en el siglo XIX, cuando se produjo un aumento en la mortalidad y una disminución de la población indígena debido a los efectos de esta enfermedad. La salmonelosis, junto con otras afecciones gastrointestinales, es una de las principales causas de enfermedades diarreicas a nivel mundial, las cuales en

2019 fueron la quinta causa de muerte en países de bajos ingresos. Actualmente, la salmonelosis afecta anualmente a 550 millones de personas, lo que la convierte en una de las enfermedades diarreicas más relevantes a nivel global. La *Salmonella* es un agente causante de enfermedades transmitidas principalmente por alimentos y agua. Por lo tanto, esta enfermedad puede prevenirse a través de estrategias de Salud Pública, implementando medidas de promoción y prevención clave para reducir su incidencia (Alba-López *et al.*, 2023).

1.4 Morfología

Salmonella son bacterias Gram negativas en forma de bacilo, estas son anaerobias facultativas de un tamaño aproximado de 2-5 µm de longitud y de 0.5-1.5 µm de ancho. Esta bacteria cuenta con una membrana externa rica en lipopolisacáridos, lo que confiere resistencia y su patogenicidad (Winfield y Groisman, 2004)

1.5 Clasificación

El género *Salmonella* comprende dos especies: *Salmonella enterica* y *Salmonella bongori*. *S. enterica* se divide además en siete especies: *enterica* (I), *salamae* (II), *arizonae* (IIIa), *diarizonae* (IIIb), *indica* (IV), *houtenae* (VI) y varios serovares previamente asignados al grupo IV (VII). Las cepas pertenecientes a la subespecie I son asociados al 99% de las enfermedades clínicas y veterinarias (Winfield y Groisman, 2004; Brown *et al.*, 2021).

La población de *S. enterica* es monomórfica, derivada de un ancestro común reciente y con poco intercambio genético horizontal. Su evolución ocurre mediante diversificación desde una fuente puntual y colonización de nuevos nichos por cepas adaptadas. La expansión de nicho inicia cuando una célula coloniza un nuevo huésped, atravesando un cuello de botella. Si su progenie modifica los antígenos O y H, se genera un nuevo serotipo por expansión clonal. Si múltiples serotipos colonizan, la evolución convergente favorece el más exitoso. La adquisición de virulencia también puede alterar la relación con el huésped, repitiéndose el efecto cuello de botella si es un evento raro. Además de la selección purificadora, la respuesta inmune ejerce una presión diversificadora sobre los antígenos O y H,

permitiendo al patógeno evadir el sistema inmunológico. Esto ocurre por cambios en fase, modificaciones en la estructura de aminoácidos o intercambio horizontal de genes de flagelos, generando antígenos similares en cepas no relacionadas de *Salmonella* (Crump y Wain, 2017).

1.6 Islas de patogenicidad

La capacidad de muchos patógenos bacterianos Gram negativos para causar enfermedades en plantas y animales, está determinada por la transferencia de proteínas "efectoras" desde la bacteria a las células del huésped, un proceso facilitado por el sistema de secreción de tipo III (SST3) a través del injectisoma (Portaliou *et al.*, 2016; Jennings *et al.*, 2017). La isla de patogenicidad 1 (SPI-1) es clave en la interacción entre *Salmonella* y su hospedador, facilitando la adhesión, invasión, replicación intracelular y respuesta del hospedador. La adhesión es un paso previo esencial para la invasión mediada por SPI-1, donde proteínas como SipB, SipC y SipD desempeñan un papel importante. SipD es crucial en la adhesión inicial, mientras que el SST3 es indispensable para la fijación a células hospedadoras (Que *et al.*, 2013). La isla de patogenicidad 2 (SPI-2) es un elemento genético clave para la virulencia de *Salmonella*, ya que permite la supervivencia y replicación de la bacteria dentro de las células hospedadoras, particularmente en macrófagos y otras células fagocíticas, esta codifica un Sistema de Secreción de Tipo III (SST3-2), el cual inyecta proteínas efectoras en la célula hospedadora, facilitando la supervivencia y replicación bacteriana dentro de la vacuola que contiene *Salmonella* (Jennings *et al.*, 2017).

1.7 Fisiopatología

La dosis infectante de *S. enterica* varía ampliamente con el serotipo (10^6 Unidades Formadoras de Colonias por sus siglas UFC), esto hace poco probable que ocurra la transmisión de persona a persona por contacto directo, de forma que dichas infecciones se transmiten en circunstancias en las cuales las bacterias incrementan sus cifras por proliferación en alimentos contaminados antes de su ingestión (Ryan y Ray, 2017). Su ingreso ocurre por vía oral o inhalación, alcanzando el tracto intestinal, donde interactúa con la mucosa. Dentro del intestino, las células

M y enterocitos del epitelio especializado facilitan la invasión bacteriana. La infección provoca inflamación, secreción de líquidos y daño tisular, favoreciendo la diarrea. *Salmonella* invade enterocitos mediante la formación de prolongaciones membranosas y permanece en vacuolas dentro de estas células. La infección depende de factores como la edad y el estado inmunológico del hospedador. Modelos experimentales han demostrado que la invasión ocurre en minutos, con rápida respuesta inflamatoria (Barrow *et al.*, 2010; Ryan y Ray, 2017). La invasión y supervivencia de *Salmonella* están mediadas por SPI, destacando SPI-1 y SPI-2, que contienen sistemas de secreción tipo III (SST3) encargados de inyectar proteínas efectoras en células hospedadoras. Estas proteínas modifican la estructura celular y el transporte de electrolitos, favoreciendo la infección.

1.8 Gen *invA*

El gen *invA* es un marcador molecular altamente confiable del género *Salmonella*, ampliamente utilizado para su detección a través de técnicas moleculares como la Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR). Codifica una proteína importante en el T3SS, ubicada en la SPI-1, que es esencial para la invasión de células epiteliales (Lou *et al.*, 2019). Estudios han demostrado que la prevalencia del gen *invA* en aislamientos de *Salmonella* clínicos y ambientales supera el 99%, lo que respalda su alta sensibilidad y especificidad en pruebas diagnósticas. Esta herramienta se ha convertido en un estándar internacional frente a métodos convencionales de cultivo, mostrando una sensibilidad del 100% en variantes de PCR en tiempo real comparado con métodos tradicionales (Yanestria *et al.*, 2019).

Estudios reportan que ensayos basados en *invA* detectan consistentemente un fragmento de aproximadamente 284–285 pares de bases (pb), confirmando su fiabilidad como blanco molecular (Yanestria *et al.*, 2019). Por otro lado, el gen *invA* está estrechamente regulado como parte del complejo regulador SPI-1, función para la virulencia. Este gen participa en el ensamblaje del aparato de secreción y en la translocación de efectores hacia las células hospedadoras (Lou *et al.*, 2019). En otros estudios sobre la biología molecular de *Salmonella*, se ha señalado que la inactivación del gen *invA* da lugar a cepas debilitadas con capacidad limitada para

invadir tejidos, lo que confirma su contribución directa a la patogénesis. Por estas razones, *invA* sigue siendo el estándar para la detección molecular de *Salmonella*, siendo ampliamente validado y recomendado en laboratorios de vigilancia epidemiológica, control de alimentos y salud pública (Buehler *et al.*, 2019)

1.9 Esquema Kauffmann-White

El esquema Kauffmann-White es el método estándar internacional para la serotipificación de *Salmonella*, basado en la detección de antígenos somáticos (O) y flagelares (H) mediante reacciones de aglutinación con antisueros específicos (Diep *et al.*, 2019). Este sistema clasifica a la bacteria en 46 grupos antigénicos O y un extenso repertorio de antígenos H, que pueden expresarse en una o dos fases motiles, permitiendo así la combinación de más de 2,600 serovares descritos hasta la última actualización (Deng, 2017; Diep *et al.*, 2019). El procedimiento inicia identificando el antígeno O presente en el lipopolisacárido externo, seguido de la determinación de los antígenos H1 y H2 mediante antisueros monovalentes y polivalentes, obteniendo la fórmula antigénica de tipo “O:H1:H2” característica de cada serotipo. Aunque métodos genómicos como WGS (Secuencia del Genoma Completo o Whole Genome Sequencing) y herramientas *in silico* (por ejemplo, SeqSero2) complementan esta técnica, el esquema White–Kauffmann sigue siendo crucial en la vigilancia epidemiológica y el trazado de brotes, gracias a su estandarización y amplia adopción en laboratorios de referencia (Deng, 2017).

1.10 Electroforesis en gel de campo pulsado

Schwartz y Cantor desarrollaron la electroforesis en gel de campo pulsado (PFGE por sus siglas en inglés) como una mejora sobre la electroforesis en gel de agarosa convencional, que no era eficaz para separar moléculas de ADN de gran tamaño, como los cromosomas de levadura. En este método, se aplican campos eléctricos alternos en diferentes direcciones, lo que permite que las moléculas de ADN de gran tamaño se reorienten y migren en el gel de forma más eficiente en función de su tamaño (Schwartz y Cantor, 1984).

1.11 Aspectos epidemiológicos y factores de riesgo en cerdos

Reynoso *et al.* (2024) en México, aislaron 402 cepas de *Salmonella enterica* no tifoidea a partir de carne de cerdo y res, dentro de ellas 32 de la serovariedad Anatum. Además, encontraron que el 25% de las cepas Anatum fueron multirresistentes a los antibióticos. Otro estudio realizado por Chang *et al.* (2022), aislaron 117 cepas de *Salmonella* a partir de 459 muestras de alimentos recolectadas en Taiwán entre 2017 y 2019, siendo la carne de cerdo y pollo los alimentos más frecuentemente contaminados (64.1% y 29.1%, respectivamente). En este mismo estudio, se identificaron 23 serotipos distintos, entre los cuales Derby (16.2%), Anatum (13.7%) y Agona (8.5%) fueron los más prevalentes. En cuanto a la resistencia antimicrobiana, los aislamientos mostraron tasas de resistencia del 41.9% a ciprofloxacina, 11.1% a ceftriaxona y 1.7% a carbapenémicos. El serotipo Anatum, predominante en carne de cerdo, presentó una resistencia significativamente mayor a ciprofloxacina y ceftriaxona, especialmente en los años 2017 y 2018.

Kahsay *et al.* (2023) realizaron una revisión sistemática para evaluar la prevalencia, serotipos y patrones de resistencia antimicrobiana de *Salmonella* en humanos y animales en Etiopía entre 2010 y 2022, a partir de 43 estudios elegibles, se observó una prevalencia de *Salmonella* que osciló entre 1% y 10% en manipuladores de alimentos, y entre 1% y 13% en pacientes con diarrea, mientras que la mayor prevalencia se registró en cerdos, con un 41.6%. En animales, el serotipo predominante fue *S. Anatum*, mientras que en humanos fue *S. Typhimurium*, de reconocida importancia zoonótica. Las cepas humanas presentaron una resistencia del 100% a amoxicilina y ampicilina, con registros de resistencia de hasta 16.7% a ceftriaxona y 100% a ciprofloxacina. En los estudios animales, la resistencia a ampicilina, estreptomicina y tetraciclina fue del 100%, 90% y 86.4%, respectivamente.

1.12 Aspectos epidemiológicos y factores de riesgo en seres humanos

Las enfermedades transmitidas por los alimentos (ETA) son un problema de salud pública global, causando alta morbilidad. La Organización Mundial de la Salud

(OMS, por sus siglas en inglés “WHO”) estimó que en 2010 hubo alrededor de 600 millones de casos por alimentos contaminados. En 2017 se estimaron 535,000 casos por *Salmonella* no tifoidea, con mayor incidencia en África y en niños menores de 5 años (Stanaway *et al.*, 2019). Entre los principales patógenos responsables de las ETA, las bacterias son las más frecuentes, destacando *Salmonella* como una de las más importantes en el mundo. *Salmonella* puede contaminar los alimentos en diversas etapas, desde la producción hasta el almacenamiento, y su impacto en la salud depende de factores como la condición del sistema inmunológico del huésped (WHO, 2017).

La Dirección General de Epidemiología (DGE) (2024), a través del Boletín Epidemiológico, Sistema Nacional de Vigilancia Epidemiológica, Sistema Único de Información, estima que en México en el año 2024 los casos de salmonelosis fueron 48,317, entre ellos por fiebre tifoidea fueron 10065 casos, por fiebre paratifoidea 5,022 casos y por otras salmonelosis 33,230 casos.

1.13 Estudios bibliométricos

Las herramientas bibliométricas se han consolidado como instrumentos fundamentales para evaluar cuantitativamente la evolución y el impacto de la producción científica en diversas disciplinas. Estas herramientas permiten analizar indicadores como la productividad de autores, instituciones y países, así como el impacto mediante citas, índice h y factores de colaboración entre actores científicos. Además, ofrecen la posibilidad de visualizar redes de co-autoría, co-citación y co-ocurrencia de palabras clave, lo que facilita la identificación de temáticas emergentes y vacíos del conocimiento (Ellegaard y Wallin, 2015; Stanaway *et al.*, 2019). Herramientas como VOSviewer, Bibliometrix (R), CiteSpace y SciMAT son ampliamente utilizadas para este fin, ya que permiten explorar grandes volúmenes de datos extraídos de bases como Web of Science o Scopus con alto grado de precisión (González-Alcaide *et al.*, 2020). Estas metodologías no solo permiten comprender el comportamiento histórico de la ciencia, sino también orientar futuras agendas de investigación y políticas científicas basadas en evidencia, particularmente en áreas de creciente interés como las enfermedades zoonóticas o la resistencia antimicrobiana.

1.14 Etapas de los estudios bibliométricos

Un estudio bibliométrico bien estructurado sigue una serie de etapas metodológicas que garantizan la validez y reproducibilidad del análisis. En primer lugar, se define el tema de investigación y el período de estudio, seguido por la selección de la base de datos científica más adecuada (por ejemplo, Scopus o Web of Science), la cual debe ofrecer cobertura relevante para el campo temático analizado (Donthu *et al.*, 2021). Posteriormente, se construye una estrategia de búsqueda precisa, que incluye el uso de términos controlados, operadores booleanos y filtros, para asegurar la recuperación de documentos pertinentes. Una vez descargados los registros bibliográficos, se realiza la depuración de los datos (eliminación de duplicados y revisión de errores) y se procede al análisis de indicadores bibliométricos como productividad, impacto, colaboración y coocurrencia de palabras clave. Finalmente, los datos se visualizan mediante mapas científicos o diagramas de redes utilizando herramientas como VOSviewer o Bibliometrix, lo que permite interpretar las tendencias y estructuras cognitivas del campo investigado (Aria y Cuccurullo, 2017; Moral-Muñoz *et al.*, 2020).

CAPITULO II. ANÁLISIS BIBLIOMÉTRICO DE LA PRODUCCIÓN CIENTÍFICA SOBRE *Salmonella* spp. EN CERDOS (2000–2024)

RESUMEN

La salmonelosis es una zoonosis de gran relevancia, y el cerdo representa uno de sus principales reservorios. En las últimas décadas, ha aumentado significativamente la producción científica sobre *Salmonella* en cerdos, reflejando su importancia en salud pública y resistencia antimicrobiana. Por ello, el objetivo de esta investigación fue identificar el crecimiento de las publicaciones, autorías, revistas principales y evaluar el alcance de la investigación sobre *Salmonella* en cerdos entre 2000 y 2024: Para ello, Se realizó un estudio descriptivo, retrospectivo y transversal mediante análisis bibliométrico de las bases Web of Science (WoS) y Scopus. Se aplicaron estrategias de búsqueda específicas y el análisis se efectuó con el paquete Bibliometrix en R. Se identificaron 3,906 artículos en WoS y 3,824 en Scopus, con un pico de publicaciones en 2021. Las instituciones más productivas fueron el USDA, Iowa State University y la Technical University of Denmark. Estados Unidos, China y Alemania lideraron por país. Las revistas más frecuentes fueron Journal of Food Protection y Veterinary Microbiology. Además, las palabras clave más destacadas incluyeron “*Salmonella*”, “pigs” y “antimicrobial resistance”. La producción científica ha crecido de forma sostenida, con fuerte enfoque en sanidad animal y salud pública, evidenciando la necesidad de vigilancia continua y colaboración internacional.

Palabras clave: Bibliométrico, *Salmonella*, Cerdos

ABSTRACT

Salmonellosis is a highly relevant zoonosis, and pigs represent one of its main reservoirs. In recent decades, scientific production on *Salmonella* in pigs has increased significantly, reflecting its importance in public health and antimicrobial resistance. Therefore, the objective of this research was to identify the growth in publications, authorship, leading journals, and to evaluate the scope of research on *Salmonella* in pigs between 2000 and 2024. A descriptive, retrospective, and cross-sectional study was conducted through a bibliometric analysis of the Web of Science (WoS) and Scopus databases. Specific search strategies were applied, and data were analyzed using the Bibliometrix package in R. A total of 3,906 articles were identified in WoS and 3,824 in Scopus, with a publication peak in 2021. The most productive institutions were the USDA, Iowa State University, and the Technical University of Denmark. The United States, China, and Germany led in terms of country-level output. The most frequent journals were Journal of Food Protection and Veterinary Microbiology. Additionally, the most prominent keywords included “*Salmonella*,” “pigs,” and “antimicrobial resistance.” Scientific production has grown steadily, with a strong focus on animal health and public health, highlighting the need for continued surveillance and international collaboration.

Keywords: Bibliometric, *Salmonella*, Pigs

2.1 INTRODUCCIÓN

La salmonelosis es una de las enfermedades zoonóticas más relevantes en el mundo, ocasionada por bacterias del género *Salmonella*, las cuales afectan tanto a animales como a humanos. Entre las especies animales, el cerdo ha sido identificado como uno de los principales reservorios y vehículos de transmisión de *Salmonella spp.*, lo que representa una preocupación significativa para la salud pública y la seguridad alimentaria (Bonardi, 2017).

El incremento de estudios en *Salmonella spp.* en cerdos durante las últimas dos décadas ha dado lugar a un crecimiento significativo de literatura científica. Este aumento refleja el interés por comprender la epidemiología, los mecanismos de resistencia antimicrobiana, y las estrategias de control para reducir la prevalencia del patógeno en sistemas de producción porcina (Stanaway *et al.*, 2019). Ante el volumen creciente de publicaciones, el análisis bibliométrico se consolida como una herramienta para evaluar de manera cuantitativa y cualitativa las tendencias de investigación, los autores más influyentes, las revistas científicas más activas y las colaboraciones internacionales en el tema (Ellegaard y Wallin, 2015).

En este contexto, se es necesario identificar los patrones de publicación, el crecimiento del conocimiento y las áreas prioritarias de investigación sobre *Salmonella* en cerdos. Estos análisis permiten no solo mapear el estado del arte, sino también guiar futuras investigaciones y políticas sanitarias orientadas al control de la salmonelosis porcina y su transmisión. Por ello, el objetivo del estudio es identificar el crecimiento de las publicaciones, autorías, revistas principales y evaluar el alcance de la investigación sobre la literatura relacionada con “*Salmonella* en cerdos”.

2.2 JUSTIFICACIÓN

La salmonelosis constituye una de las zoonosis más relevantes a nivel global, no solo por su elevada incidencia, sino también por sus múltiples repercusiones en la salud pública, la producción pecuaria y la economía. En el ámbito sanitario, representa una de las principales causas de enfermedades gastrointestinales transmitidas por alimentos, en el sector pecuario, su presencia en cerdos compromete la inocuidad de la cadena alimentaria, genera pérdidas productivas. A nivel económico, el impacto se traduce en altos costos derivados de hospitalizaciones, tratamientos, medidas de control y pérdidas en la industria cárnica. En particular, los cerdos han sido identificados como una fuente importante de *Salmonella spp.*, ya que pueden actuar como portadores asintomáticos y diseminar la bacteria a lo largo de la cadena de producción, afectando la inocuidad alimentaria (Bonardi, 2017; Casanova-Higes *et al.*, 2019). A medida que el consumo de carne de cerdo se ha incrementado mundialmente, también lo ha hecho la necesidad de investigar estrategias para la detección, control y prevención de esta enfermedad a lo largo de toda la cadena productiva.

2.3 OBJETIVOS

Objetivo general:

Realizar un análisis bibliométrico sobre la investigación en *Salmonella* en cerdos para evaluar las tendencias actuales, la presencia de lagunas de conocimiento y la perspectiva futura sobre el tema.

2.4 METODOLOGÍA

2.4.1 Estrategias de búsqueda

Se realizó un estudio descriptivo, retrospectivo de corte transversal de las publicaciones de *Salmonella* spp. en cerdos a partir de las bases de datos Web of Science (WoS) y Scopus, desde el año 2000 al 2024. La búsqueda se hizo principalmente usando el término “*Salmonella*” junto con la especie “cerdos” y sinónimos de este. Las estrategias de búsqueda fueron las siguientes: “*Salmonella*” AND (“Cerdo” OR “Porcino” OR “Pig” OR “Swine”). Los datos en bruto fueron exportados en formato BibTeX para su seguir con su análisis con Bibliometix. Adicionalmente, se corroboró la información utilizando las herramientas de análisis de datos de WoS y Scopus. Esta herramienta al igual que Bibliometrix, incluye todos los principales métodos bibliométricos para medir tendencias temporales, detectar a los autores, revistas, instituciones y países más prolíficos.

2.4.2 Análisis estadístico

El análisis bibliométrico de los datos brutos de WoS se llevó a cabo utilizando el software R versión 4.4.1. El análisis se realizó mediante el paquete Bibliometrix para R, versión 4.3.0.

2.5 RESULTADOS

Entre 2000 y 2024, se registró una alta y sostenida producción científica sobre *Salmonella* en cerdos en WoS (3,906 artículos) y Scopus (3,824). Los artículos originales fueron el tipo de documento más frecuente. Ambas bases mostraron tendencias temporales similares, con un pico en 2021 (WoS: 251; Scopus: 248) y alta productividad en los años siguientes. Estos datos reflejan un interés creciente en la temática, especialmente durante los últimos cinco años, confirmando su relevancia científica y sanitaria a nivel global (figura 5).

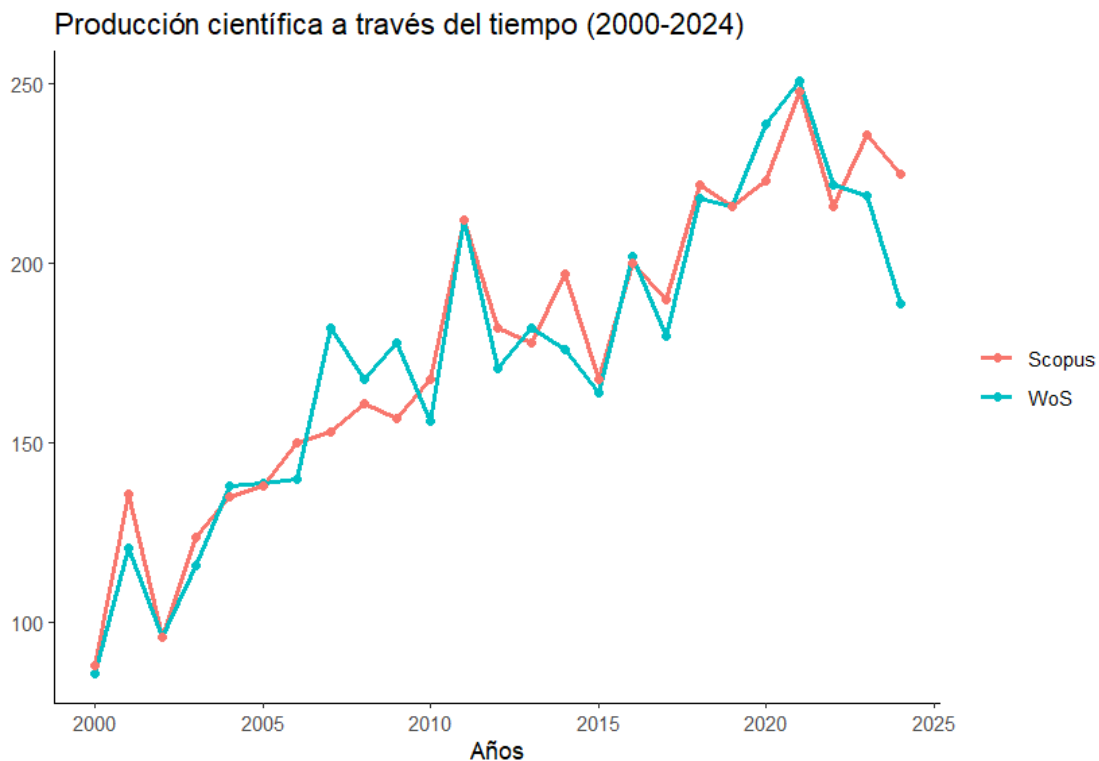


Figura 4. Producción científica anual de *Salmonella* spp. en cerdos WoS y Scopus entre los años 2000 y 2024.

Respecto a las instituciones más productivas, en WoS se posicionó al United States Department of Agriculture (USDA) como líder con 306 publicaciones, seguido de Iowa State University (131) y Technical University of Denmark (118). En Scopus, aunque se observa la misma institución líder con 168 publicaciones, le siguen el USDA Agricultural Research Service (147) y nuevamente el Technical University of Denmark (145), evidenciando coincidencias importantes, aunque con algunas diferencias en volumen (figura 6).

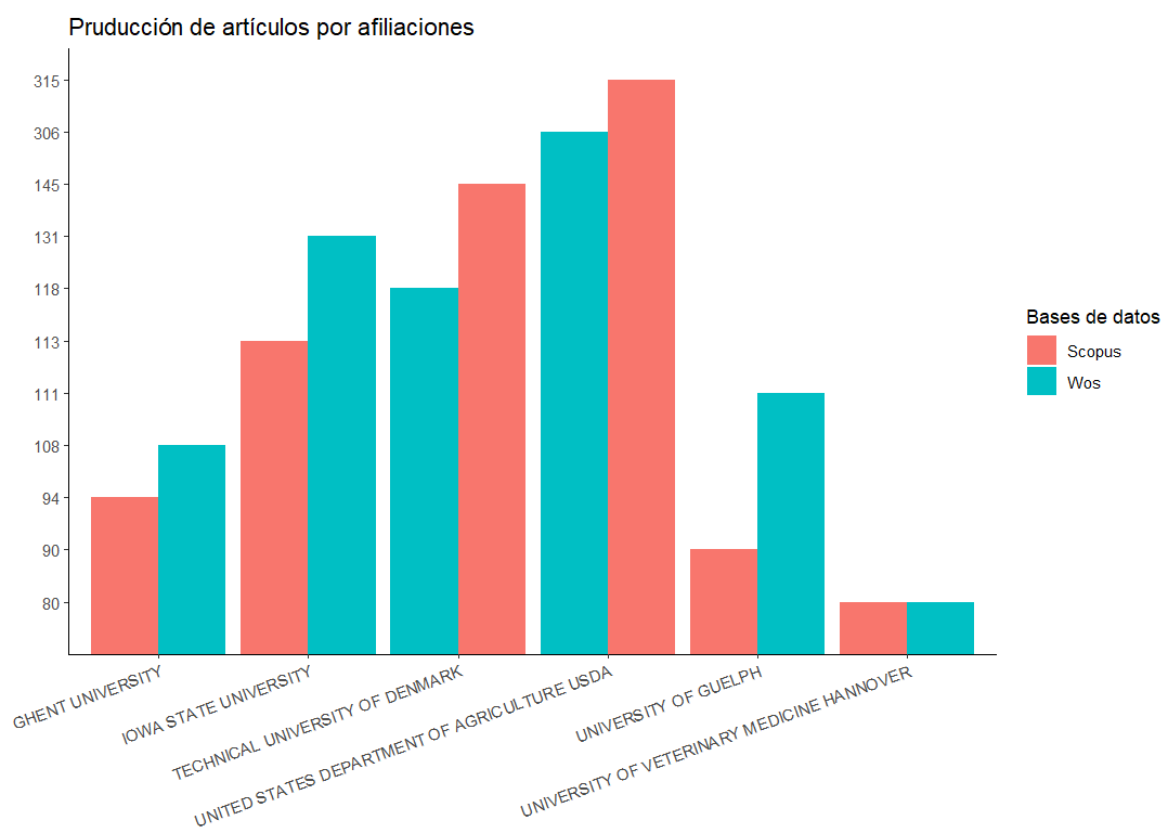


Figura 6. Afiliaciones con mayor producción de artículos de *Salmonella* spp. en cerdos WoS y Scopus entre los años 2000 y 2024.

En cuanto a los autores más destacados, WoS mostró a Kich J.D. y Bearson S.M.D. con 42 publicaciones cada uno, mientras que en Scopus se invirtieron las posiciones, pero con igual número de publicaciones. Otros autores recurrentes en WoS fueron Lee J.H., Nisbet D.J., Anderson R.C. y Rostagno M.H., que también aparecen entre los principales en Scopus, aunque en distinto orden (figura 7). Aunque estos autores son los más productivos en términos de número de publicaciones, los documentos con mayor impacto, medido por el número de citas, corresponden a otros autores, lo que sugiere que la relevancia científica no siempre está relacionada con la cantidad de publicaciones (cuadro 2).

Cuadro 2. Artículos con mayor impacto en el estudio de *Salmonella* en cerdos

Título	Autor	Año	Fuente	FI	CT
The European Union One Health 2018 Zoonoses Report	European Food Safety Authority	2019	EFSA JOURNAL	3.3	1341
Antimicrobial use and resistance in animals	McEwen SA	2002	CLINICAL INFECTIOUS DISEASES	7.3	638
Fate and Transport of Antibiotic Residues and Antibiotic Resistance Genes following Land Application of Manure Waste	Chee-Sanford JC	2009	JOURNAL OF ENVIRONMENTAL QUALITY	2.3	629
The European Union One Health 2020 Zoonoses Report	European Food Safety Authority	2021	EFSA JOURNAL	3.3	576
Biofilm bacteria: formation and comparative susceptibility to antibiotics	Olson ME	2002	CANADIAN JOURNAL OF VETERINARY RESEARCH-REVUE CANADIENNE DE RECHERCHE VETERINAIRE	1.1	554
The European Union summary report on trends and sources of zoonoses, zoonotic agents and food-borne outbreaks in 2017	European Food Safety Authority	2018	EFSA JOURNAL	3.3	500
Weaning is associated with an upregulation of expression of inflammatory cytokines in the intestine of piglets	Pié S	2004	JOURNAL OF NUTRITION	3.8	481
Estimated human health risks from exposure to recreational waters impacted by human and non-human sources of faecal contamination	Soller JA	2010	WATER RESEARCH	12.4	421
Microbiota of the chicken gastrointestinal tract: influence on health, productivity and disease	Stanley D	2014	APPLIED MICROBIOLOGY AND BIOTECHNOLOGY	4.3	419
Use of organic acids as a model to study the impact of gut microflora on nutrition and metabolism	Dibner JJ	2002	JOURNAL OF APPLIED POULTRY RESEARCH	2	406

FI: Factor de Impacto de la fuente del año 2024; CT: Citas Totales

A nivel de países más productivos, WoS identificó a Estados Unidos como el principal contribuyente (991 publicaciones), seguido de China (441), Alemania (377), Canadá (303) e Inglaterra (293). Scopus replicó esta tendencia general, con Estados Unidos (927), China (487) y Alemania (365) en los primeros lugares, aunque ubicó al Reino Unido por encima de Canadá y a Brasil por delante de Italia (figura 8).

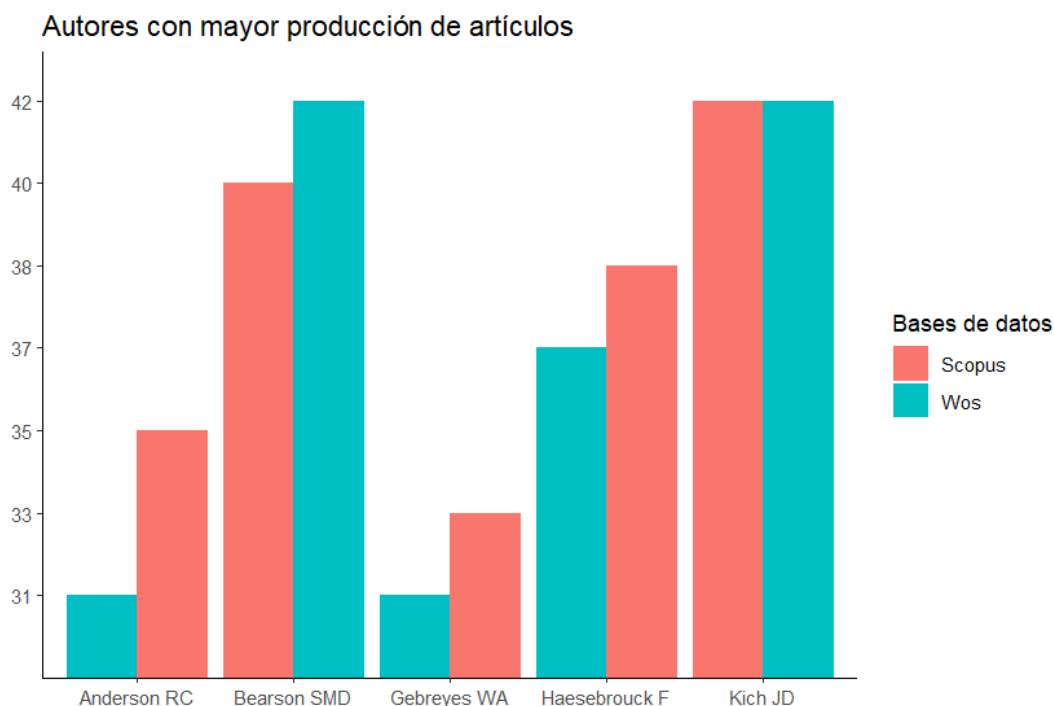


Figura 7. Autores con mayor producción de artículos de *Salmonella* spp. en cerdos WoS y Scopus entre los años 2000 y 2024

En las áreas temáticas, WoS presentó un enfoque mayoritariamente en Veterinary Sciences (1,382), Microbiology (1,182) y Food Science Technology (766), reflejando una orientación hacia la investigación aplicada. En contraste, Scopus clasificó más registros bajo Immunology and Microbiology (1,689), Veterinary (1,520) y Agricultural and Biological Sciences (1,483), lo que sugiere un espectro ligeramente más amplio en términos de categorías científicas.

Las revistas más comunes según WoS fueron Journal of Food Protection (174), Veterinary Microbiology (152), Foodborne Pathogens and Disease (119) e International Journal of Food Microbiology (113). En Scopus, estas revistas también

estuvieron entre las más representadas, aunque con ligeras variaciones en número y orden. Scopus además incluyó a Animals y Zoonoses and Public Health con mayor frecuencia relativa que WoS.

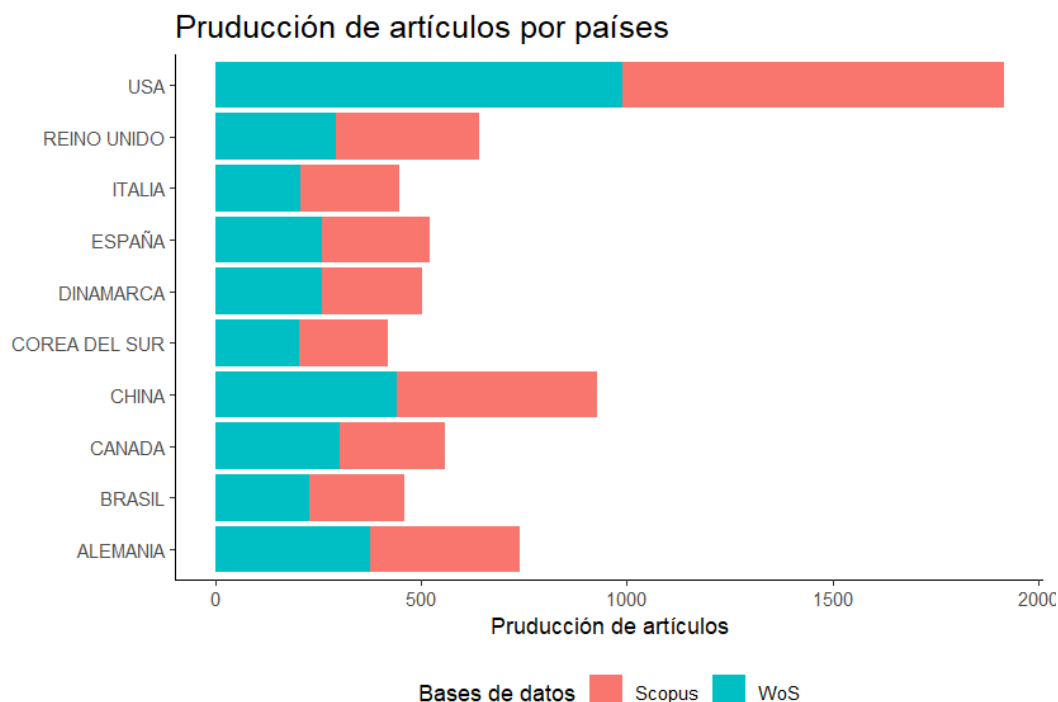


Figura 8. Países mayor producción de artículos de *Salmonella* spp. en cerdos WoS y Scopus entre los años 2000 y 2024

Entre las palabras clave destacan con mayor tamaño las palabras “prevalence”, “*Salmonella*”, “escherichia-coli”, “pigs”, “swine” e “infection”, lo que indica su alta frecuencia y relevancia en la literatura analizada. Asimismo, se observan otros términos vinculados a temas de salud pública y sanidad animal, como “antimicrobial resistance”, “antibiotic-resistance”, “contamination”, “identification” y “transmission” (figura 9).

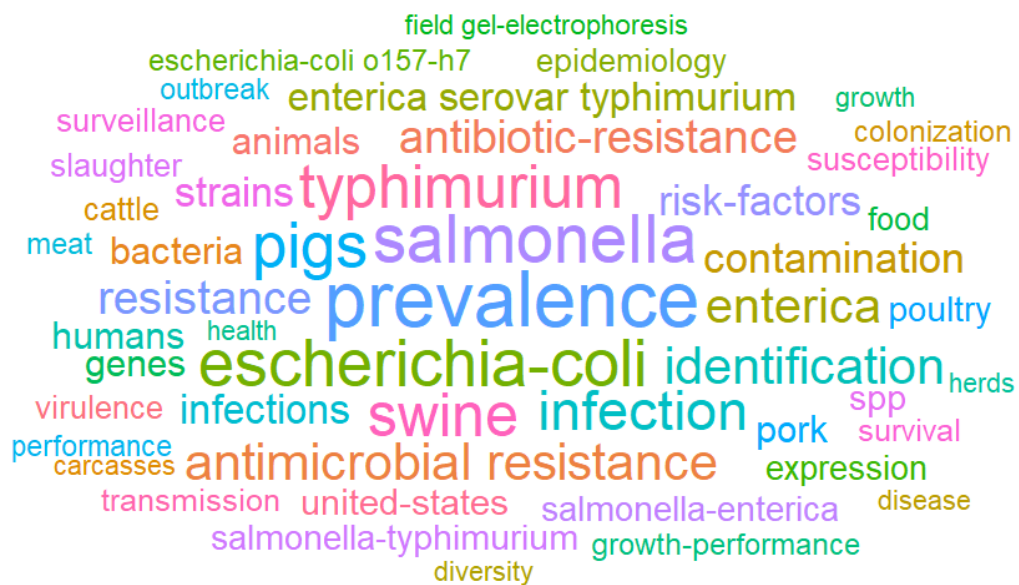


Figura 9. Palabras clave con mayor relevancia en *Salmonella* spp. en cerdos WoS y Scopus.

2.6 DISCUSIÓN

Los resultados obtenidos reflejan una notable y sostenida producción científica sobre *Salmonella* en cerdos entre 2000 y 2024. La elevada cantidad de artículos identificados (3,906 en WoS y 3,824 en Scopus), con un pico máximo en 2021, se alinea con la creciente preocupación mundial por la transmisión zoonótica, la resistencia antimicrobiana y la inocuidad alimentaria asociadas a este patógeno. Esta tendencia ascendente en la literatura puede estar relacionada con los brotes recurrentes de salmonelosis vinculados a productos cárnicos porcinos, así como con la intensificación de políticas de vigilancia y control en la producción animal (Bonardi, 2017; Garfio-Romero *et al.*, 2022; Roldan-Henao *et al.*, 2023).

La concentración de publicaciones en instituciones como el USDA, Iowa State University y la Technical University of Denmark evidencia el papel central de países como Estados Unidos y Dinamarca en la investigación de *Salmonella*. Estos hallazgos coinciden con estudios previos que destacan el liderazgo de dichas instituciones en temas de salud animal y seguridad alimentaria, particularmente en relación con el monitoreo de patógenos zoonóticos en la cadena porcina (Casanova-Higes *et al.*, 2019; Kiliç Altun *et al.*, 2025). Además, el hecho de que estas instituciones también aparezcan como líderes en ambas bases de datos refuerza la consistencia de la evidencia bibliométrica obtenida.

Por otro lado, si bien los autores más productivos como Kich J.D., Bearson S.M.D., y Lee J.H. tienen un elevado número de publicaciones, los artículos más citados no necesariamente pertenecen a estos investigadores. Esto pone en evidencia una distinción clave entre productividad científica y relevancia o impacto académico, un fenómeno ampliamente descrito en la literatura bibliométrica (Ellegaard y Wallin, 2015). La cantidad de publicaciones es un indicador útil para evaluar la actividad investigadora, pero no siempre se correlaciona con la influencia del contenido en la comunidad científica.

En cuanto a la contribución por países, los datos sitúan consistentemente a Estados Unidos y China como líderes mundiales en publicaciones sobre *Salmonella* en cerdos, seguidos por Alemania, Canadá y Reino Unido. Esta distribución coincide

con estudios globales que han identificado una mayor producción científica en países con sistemas intensivos de producción porcina y con fuerte inversión en investigación veterinaria y microbiológica (Li *et al.*, 2024).

En conjunto, estos hallazgos confirman que el estudio de *Salmonella* en cerdos continúa siendo una prioridad científica y sanitaria global, impulsada por la necesidad de entender su comportamiento epidemiológico, sus serotipos emergentes y sus patrones de resistencia, especialmente en un contexto de creciente preocupación por la salud pública y la resistencia antimicrobiana (Andino y Hanning, 2015).

2.7 CONCLUSIONES

La producción científica sobre *Salmonella* en cerdos ha mostrado un crecimiento sostenido entre 2000 y 2024, con un notable impulso en los últimos años. Este aumento refleja su importancia sanitaria y el interés global por controlar su transmisión y resistencia antimicrobiana. Instituciones y países como el USDA, Dinamarca y EUA lideran la investigación, aunque el impacto científico no siempre se relaciona con la cantidad de publicaciones. Estos hallazgos refuerzan la necesidad de continuar con la vigilancia, fomentar la cooperación internacional y orientar la investigación hacia resultados de alto impacto en salud pública, considerando como posibles líneas de avance los estudios longitudinales que evalúen portadores asintomáticos y su reactivación tras estrés.

CAPITULO III. SIMILITUD GENÉTICA DE *Salmonella* Anatum AISLADA DE CERDOS, PACIENTES CLÍNICOS Y MEDIO AMBIENTE EN SINALOA, MÉXICO

RESUMEN

La salmonelosis es una enfermedad de importancia global causada por bacterias del género *Salmonella*, responsables de millones de infecciones y cientos de miles de muertes anuales. Entre los principales vehículos de transmisión a humanos se encuentra la carne de cerdo, cuyos animales pueden portar la bacteria de manera asintomática, especialmente bajo condiciones de estrés durante el transporte y estancia en mataderos. Este estudio se enfocó en la caracterización molecular de cepas de *Salmonella* aisladas de cerdos, pacientes clínicos y ambientes acuáticos, empleando métodos como PCR para la identificación del gen *invA*, serotipificación y electroforesis en gel de campo pulsado (PFGE). Se reactivaron 22 cepas previamente conservadas y se confirmó su identidad como *Salmonella* Anatum mediante PCR y serotipificación, todas compartiendo la misma fórmula antigénica O:3,15:e,h:1,6. El análisis por PFGE reveló similitudes genéticas entre 83% y 100%, agrupando cepas de cerdos con similitudes de 93.5% a 97.3% y aislamientos de pacientes y agua entre 89.6% y 96.6%. Las subramas con patrones de bandas prácticamente idénticos sugieren un posible origen clonal. Estos hallazgos resaltan la importancia de la vigilancia molecular de *Salmonella* en la cadena de producción porcina y en el ambiente, proporcionando información valiosa para la prevención de brotes y el control de enfermedades transmitidas por alimentos.

Palabras clave: Similitud genética, *Salmonella*, Cerdos, Pacientes clínicos, Medio ambiente

ABSTRACT

Salmonellosis is a globally significant disease caused by bacteria of the genus *Salmonella*, responsible for millions of infections and hundreds of thousands of deaths annually. Among the main vehicles of transmission to humans is pork, whose animals can carry the bacteria asymptotically, especially under stressful conditions during transport and stay at slaughterhouses. This study focused on the molecular characterization of *Salmonella* strains isolated from pigs, clinical patients, and aquatic environments, using methods such as PCR for the identification of the *invA* gene, serotyping, and pulsed-field gel electrophoresis (PFGE). Twenty-two previously preserved strains were reactivated, and their identity as *Salmonella* Anatum was confirmed through PCR and serotyping, all sharing the same antigenic formula O:3,15:e,h:1,6. PFGE analysis revealed genetic similarities ranging from 83% to 100%, clustering pig strains with similarities of 93.5% to 97.3%, and patient and water isolates between 89.6% and 96.6%. Sub-branches with nearly identical band patterns suggest a possible clonal origin. These findings highlight the importance of molecular surveillance of *Salmonella* in the pork production chain and the environment, providing valuable information for outbreak prevention and the control of foodborne diseases.

Keywords: Genetic similarity, *Salmonella*, Pigs, Clinical patients, Environment

3.1 INTRODUCCIÓN

La salmonelosis representa un importante problema de salud pública en el mundo (Abatcha *et al.*, 2014). La salmonelosis es causada por una bacteria Gram negativa del género *Salmonella* con forma de bastón; esta enfermedad es responsable de aproximadamente 115 de millones de infecciones en seres humanos y 370,000 muertes por año (Seif *et al.*, 2018; Yan *et al.*, 2021). *Salmonella* ha sido identificada como una de las principales causantes de enfermedades transmitidas por alimentos (ETA), siendo la carne uno de los vehículos de transmisión a los seres humanos (Carrascal-Camacho *et al.*, 2023). La carne de cerdo ha sido considerada uno de los principales alimentos responsables de la transmisión de *Salmonella* a lo humanos en diversos países (Santana *et al.*, 2020; Garfio-Romero *et al.*, 2022). Los cerdos, a menudo, son portadores asintomáticos que eliminan el patógeno de forma ocasional o cuando experimentan estrés (Garfio-Romero *et al.*, 2022); se considera que el transporte y su posterior estabulación en el matadero son etapas para la transmisión de *Salmonella* en la cadena de la producción porcina, esto debido a que se han informado aumentos significativos en la prevalencia de cerdos infectados con *Salmonella* entre la granja y el matadero (Berends *et al.*, 1996; Davies *et al.*, 1999; Hurd *et al.*, 2001; Simons *et al.*, 2016).

Un aspecto clave en la caracterización de patógenos es evaluar cómo el análisis molecular contribuye a determinar la distribución clonal y de cepas en diferentes entornos y huéspedes. Aunque existen diversos métodos para la caracterización y subtipificación de cepas, la electroforesis en gel de campo de pulso (PFGE) es uno de los más utilizados (Stepan *et al.*, 2011). La subtipificación bacteriana es una herramienta utilizada para diferenciar entre distintas cepas bacterianas, facilitando estudios filogenéticos, la investigación de brotes y el monitoreo de las ETA (Sedano *et al.*, 2024). La electroforesis en gel de campo pulsado (PFGE, por sus siglas en inglés) se ha establecido como el “estándar de oro” para la subtipificación de patógenos bacterianos transmitidos por alimentos (Ribot *et al.*, 2006).

3.2 JUSTIFICACIÓN

La persistencia de *Salmonella* como agente causal de enfermedades transmitidas por alimentos representa un problema prioritario de salud pública en México y el mundo. A pesar de los esfuerzos en control sanitario, esta bacteria sigue siendo responsable de una alta incidencia de salmonelosis en humanos, con serotipos asociados a productos de origen animal y a ambientes contaminados, como cuerpos de agua y suelos agrícolas.

En el valle agrícola de Culiacán, una región estratégica para la producción agroalimentaria se ha registrado la presencia de *Salmonella* en carne de cerdo y en aguas superficiales. Sin embargo, existe una limitada comprensión sobre la diversidad de serotipos circulantes y su potencial impacto en la salud humana. Por ello, esta investigación es relevante y necesaria, ya que permitirá generar evidencia científica que contribuya a la relación filogenética *Salmonella* Anatum desde una perspectiva interdisciplinaria. Los resultados podrán fortalecer las estrategias de vigilancia epidemiológica.

3.3 HIPÓTESIS

Existe similitud filogenética entre serovares de *Salmonella* Anatum en cerdos, seres humanos y medio ambiente.

3.4 OBJETIVOS

Objetivo general:

- Determinar la similitud filogenética entre serovares de *Salmonella* Anatum aislados en cerdos, pacientes clínicos y medio ambiente.

Objetivos específicos:

1. Reactivar las cepas de *Salmonella* spp. obtenidas del Centro de Investigaciones Epidemiológicas de Sinaloa (CIES)
2. Identificar el gen *invA* en las cepas de *Salmonella* spp. del CIES
3. Identificar el serotipo de la cepa de *Salmonella* spp. del CIES mediante el esquema de Kauffman-White
4. Analizar genéticamente las cepas de *Salmonella* Anatum aisladas de cerdos, casos clínicos y ambientales mediante PFGE
5. Comparar las secuencias genéticas de las cepas de *Salmonella* Anatum obtenidas de las muestras para identificar patrones de similitud y diferencias

3.5 METODOLOGÍA

3.5.1 Tipo de estudio

Se realizó un estudio observacional, descriptivo, retrospectivo de corte transversal.

Se llevó a cabo en el Centro de Investigación Epidemiológica de Sinaloa (CIES), el cual cuenta con certificación por parte de la Organización Mundial de la Salud y la Red Global de Infecciones Transmitidas por Alimentos, obtiene muestras clínicas provenientes tanto del Hospital General de Culiacán “Dr. Bernardo J. Gastélum” como de otras instituciones, en casos sospechosos de resistencia bacteriana múltiple. En sus instalaciones, las cepas son cultivadas, aisladas y conservadas en crioviales mediante ultracongelación. Adicionalmente, la información recolectada se registró en una base de datos que estuvo disponible para el desarrollo del proyecto.

3.5.2 Universo de estudio

Se consideraron todas las cepas de *Salmonella* Anatum aisladas de cerdos, casos clínicos y muestras ambientales que se hayan recibido en el CIES durante el periodo 2009 a 2020.

3.5.3 Criterios de inclusión y exclusión

Criterios de inclusión de muestras de cerdos

- Procedencia
- Área de granja
- Tipo de muestra
- Fecha de muestreo
- Edad
- Sexo

Criterios de inclusión de casos clínicos

- Procedencia
- Área de servicio hospitalaria

- Fecha de muestreo
- Diagnóstico clínico presuntivo a salmonelosis.

Criterios de inclusión de muestras ambientales

- Procedencia
- Fecha de muestreo
- Resultado de laboratorio (positivo a *Salmonella* Anatum)

3.5.4 Criterios de exclusión

Se eliminaron las muestras con resultado que no sean *Salmonella* Anatum y muestras que sean positivas pero que no cumplan con los criterios de inclusión.

3.5.5 Especificación de variables

Cuadro 3. Operacionalización de variables

Variable	Operacionalización de variables	Tipo de variable	Escala de medición
Variables independientes			
Identificación	Identificación única para el registro de cada muestra	Cualitativa	Nominal
Procedencia	Lugar de origen de la muestra (de donde proviene)	Cualitativa	Nominal
Fecha de muestreo	Fecha en la que fue tomada la muestra	Cuantitativa	De intervalo
Diagnóstico clínico	Diagnóstico de la muestra con <i>Salmonella</i>	Cualitativa	Nominal
Área de hospital	Área de hospitalización de Hospital General de Culiacán	Cualitativa	Nominal
Edad	Edad del paciente	Cuantitativa	De razón
Sexo	Femenino/Masculino Macho/Hembra	Cualitativa	Nominal

Tipo de muestra	Forma en la que fue tomada la muestra	Cualitativa	Nominal
Temperatura ambiental	Temperatura del ambiente a la hora de toma de muestra	Cuantitativa	De razón
Variables dependientes			
Similitud genética	Porcentaje de similitud genética entre las muestras	Cuantitativa	De razón
PCR	Resultado de PCR a gen <i>invA</i>	Cualitativa	Nominal
Serotipo	Clasificación de la bacteria positiva al gen <i>invA</i> según la escala de Kauffman–White	Cualitativa	Nominal

3.5.6 Procedencia de las muestras

Muestras de cerdos

Las muestras de heces fueron tomadas de un cepario en la Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia de la Universidad Autónoma de Sinaloa. Dichas muestras pertenecían a la granja de cerdos “La Huerta” y la granja “Recoveco”, ubicadas en la sindicatura de Culiacancito, Municipio de Culiacán Rosales, y en el pueblo de Recoveco, Municipio de Mocorito, Sinaloa, respectivamente.

Muestras de casos clínicos

El HGC, a través del Laboratorio de Análisis Clínicos, aisló bacterias de muestras de heces con sospecha de salmonelosis, el CIES recibió las muestras, las identificó y conservó en crioviales.

Muestras ambientales

Las muestras ambientales se recibieron en el CIES por parte de diversos laboratorios privados que tienen asociación con empresas agrícolas, las cuales se percataron y alertaron de la presencia de *Salmonella* en el agua de riego.

3.5.7 Reactivación de las cepas

Con el objetivo de reactivar cepas de *Salmonella spp.*, se utilizaron aislamientos conservados en crioviales provenientes de estudio previos (cerdos, pacientes clínicos y medio ambiente). Las colonias bacterianas fueron procesadas mediante un tren de aislamiento selectivo para favorecer su crecimiento. Se inocularon en caldo Tetratonato y se incubaron a 37 °C durante 48 horas. Posteriormente, se transfirieron 100 µL del cultivo al medio semisólido Rappaport Vassiliadis, el cual fue incubado a 42 °C por 24 horas. El contenido de este medio se estrió en agar XLT4 e incubó a 37 °C por 24 horas. Finalmente, se seleccionaron colonias negras aisladas características de *Salmonella*, las cuales fueron estriadas en BAB e incubadas a temperatura ambiente por 24 horas para su posterior análisis.

3.5.8 Extracción de ADN

Para llevar a cabo la extracción de ADN, se colocaron 1000 µl de agua de uso molecular en un tubo Eppendorf® de 1.5 mL en el cual se inocularon las colonias bacterianas provenientes del medio BAB utilizando un asa bacteriológica. Las muestras fueron centrifugadas a 12,000 rpm durante 60 segundos, se eliminó el sobrenadante, y se añadieron 200 µl de Instagene Matrix (Bio-Rad®). Luego, los tubos se incubaron en un Termoblock Labgenius® a 56 °C durante 30 minutos, se agitaron en vortex por 10 segundos, y se incubaron nuevamente a 100 °C durante 8 minutos. Tras un segundo vortex de 10 segundos, las muestras se centrifugaron a 12,000 rpm durante 3 minutos y se retiró el sobrenadante para su posterior análisis.

3.5.9 Identificación del gen *invA* en *Salmonella* a través de PCR

Con el fin de confirmar la identidad del género bacteriano, se llevó a cabo la amplificación de un fragmento del gen *invA*, el cual está presente en todos los

serotipos de *Salmonella* y está relacionado con la capacidad de invasión al epitelio intestinal. Para la amplificación, se emplearán los iniciadores *invA*-1 (5'-GTGAAATTATCGCCACGTTCTGGGCAA-3') e *invA*-2 (5'-TCATCGCACCGTCAAAGGAACC-3'). Se utilizará por reacción de PCR 5 µL de ADN (diluido 1 en 10), 1 µL de oligonucleótido “forward”, 1 µL de oligonucleótido “reverse”, 12.5 µL de Invitrogen™ PCR SuperMix, 1.5 µL de Cloruro de Magnesio y 4 µL de agua para uso molecular. Se llevó a cabo en un termociclador bajo las siguientes condiciones: desnaturalización a 94 °C durante un minuto, alineamiento a 64 °C por 30 segundos, extensión a 72 °C durante 30 minutos y una extensión final a 72 °C por siete minutos, completando un total de 35 ciclos. Los productos de PCR se visualizaron mediante gel de agarosa al 1.5% teñido con GelRed 3x.

3.5.10 Serotipificación

El serotipificación de las cepas de *Salmonella* se llevó a cabo en el Centro de Investigaciones Epidemiológicas de Sinaloa, ubicado en Culiacán, Sinaloa, México. La identificación serológica se efectuó siguiendo el esquema internacional de Kauffman-White, empleando antisueros de diagnóstico polivalentes, monovalentes y específicos para los antígenos somáticos (O) y flagelares (H), conforme a lo descrito por Kauffman (1972).

3.5.11 Análisis de similitud genética por PFGE

La comparación genética entre serotipos se llevó a cabo mediante digestión con la enzima de restricción *Xba*I y posterior análisis por PFGE, utilizando el sistema CHEF-DR II de BIORAD en el Centro de Investigaciones Epidemiológicas de Sinaloa. Según el protocolo del *Center for Disease Control and Prevention* en 2013 (Centro para el Control y la Prevención de Enfermedades, CDC), las condiciones de corrida para la electroforesis son las siguientes: voltaje de 6 V/cm, ángulo de 120°, pulso inicial de 2.2 segundos, pulso final de 63.8 segundos, corriente inicial de 132 miliamperios, y temperatura constante de 14 °C durante 19 horas. Tras la corrida, el gel se tiñó con GelRed™ 3X y se capturaron las imágenes utilizando un fotodocumentador Alphamage. Finalmente, el análisis de las bandas obtenidas se realizó con el software GelCompar II en el Instituto Nacional de Salud Pública.

3.5.12 Análisis estadístico

La evaluación de la similitud entre los perfiles genéticos se llevó a cabo utilizando el índice de Jaccard, también denominado coeficiente de similitud de Jaccard. Esta herramienta estadística permite medir el grado de semejanza entre dos conjuntos, calculando la proporción entre el número de elementos comunes (intersección) y el total de elementos presentes en ambos conjuntos (unión). El valor del índice varía entre 0 y 1, donde un valor cercano a 1 indica una alta similitud entre las muestras comparadas, mientras que valores cercanos a 0 reflejan baja similitud o diferencias marcadas (Real y Vargas, 1996).

$$J(X,Y) = \frac{|X \cap Y|}{|X \cup Y|} * 100$$

Donde:

$J(X,Y)$: Son dos conjuntos que se desean comparar.

$|X \cap Y|$: Es el número de elementos en común entre los dos conjuntos (intersección).

$|X \cup Y|$: Es el número total de elementos únicos al considerar ambos conjuntos juntos (unión).

3.6 RESULTADOS

Las 22 cepas procesadas presentaron características típicas de *Salmonella* al ser sembradas en el medio selectivo XLT4, evidenciando colonias negras, indicativas de la producción de sulfuro de hidrógeno (figura 10). Asimismo, todas las cepas fueron positivas para la amplificación del gen *invA* mediante PCR convencional, presentando bandas bien definidas de 284 pares de bases, correspondiente al tamaño esperado del amplicón (figura 11). Además, el análisis serológico reveló que las 22 cepas compartían la misma fórmula antigénica O:3,15:e,h:1,6, lo que indica uniformidad serotípica entre los aislamientos, confirmando su identidad como *Salmonella* Anatum.



Figura 10. Características típicas de aislamientos de *Salmonella* spp. mediante XLT4

El análisis de las cepas Anatum mediante la enzima *XbaI* en PFGE, revela un rango de similitud que oscila entre el 83% y 100%. El grupo ubicado en la parte superior, agrupa las cepas de cerdos con similitudes entre 93.5% y 97.3%, destacando subramas con patrones de bandas prácticamente idénticos (>97%). Este grupo incluye aislamientos de 2009, 2017 y 2018, principalmente de materia fecal, tejido y agua, en localidades como granja La Huerta, rastro municipal y

cuerpos de agua de Guasave y La Cruz de Elota. El grupo en la parte inferior comprende las cepas de agua, heces de pacientes clínicos, granja Recoveco y sedimentos, con similitudes internas de 89.6% a 96.6%, y se separa de la parte superior por un valor de similitud aproximado del 83%, indicando mayor divergencia genética entre los años de 2009 y 2018 pero manteniendo el índice de similitud genética de al menos el 80%, lo que las establece como cepas muy similares con posible origen clonal según el índice de Jaccard (figura 12; cuadro 4 y 5).

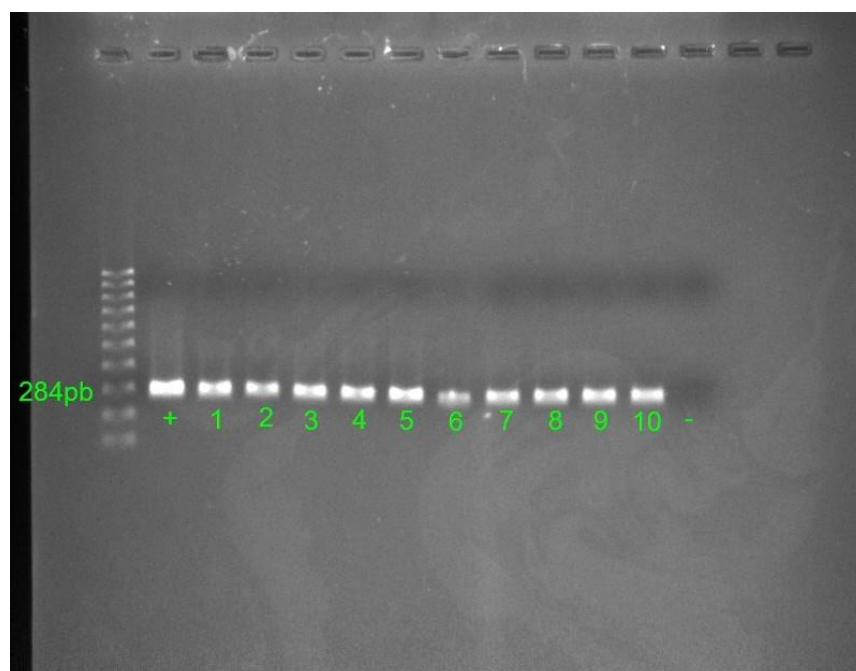


Figura 11. Productos de PCR del gen *invA* de muestras de cerdos en gel de agarosa 1.5% teñido con GelRed 3x.

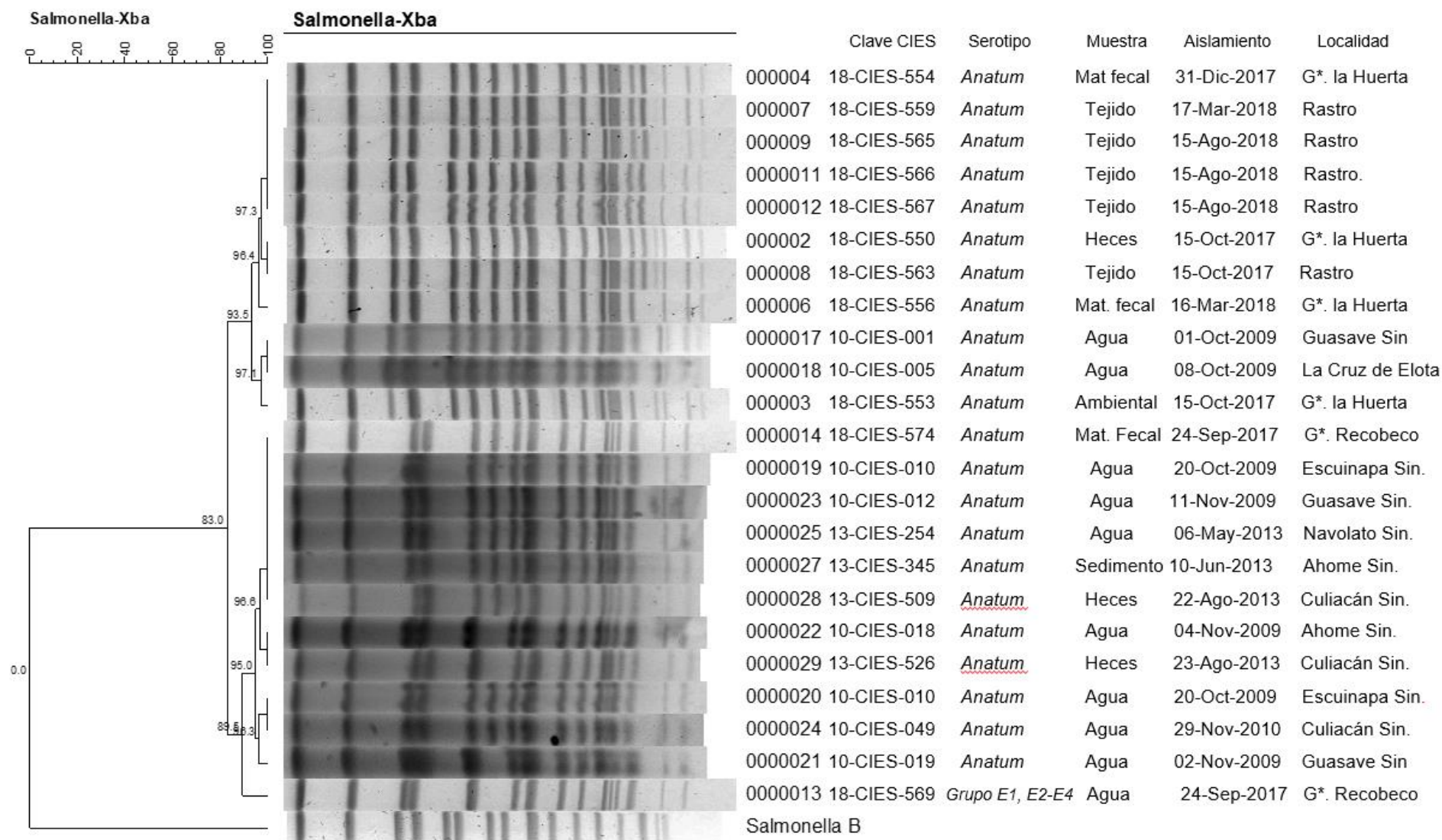


Figura 12. Dendrograma de *Salmonella* Anatum mediante la digestión enzimática *Xba*I por PFGE de muestras de cerdos, pecientes clínicos y medio ambiente de año 2009-2018.

Cuadro 4. Características de aislamiento (tipo de muestra, origen, fórmula antigénica) *Salmonella* Anatum obtenidas de cerdos

Carril	Registro CIES	Fecha de aislamiento	Lugar de la muestra	Origen de la muestra	Área dentro de la granja	Tipo de Muestra	Formula antígeno	Serovar
1	Branderoup							
2	18-CIES-0550	15/OCT/2017	G. La Huerta	Heces de lechones	Maternidad	Materia fecal	O:3,10:e,h:1,6	Anatum
3	18-CIES-0553	15/OCT/2017	G. La Huerta	Heces de roedores (Ratas)	Maternidad	Ambiental	O:3,10:e,h:1,6	Anatum
4	18-CIES-0554	31/DIC/2017	G. La Huerta	Pool de heces de cerdos	Engorda	Materia fecal	O:3,10:e,h:1,6	Anatum
5	BRANDEROUP							
6	18-CIES-0556	16/MAR/2018	G. La Huerta	Pool de heces cerdos antes del transporte	Pasillo de traslado	Materia fecal	O:3,10:e,h:1,6	Anatum
7	18-CIES-0559	17/MAR/2018	Rastro	Íleon	Rastro	Tejido	O:3,10:e,h:1,6	Anatum
8	18-CIES-0563	15/AGO/2018	Rastro	Íleon	Rastro	Tejido	O:3,10:e,h:1,6	Anatum
9	18-CIES-0565	15/AGO/2018	Rastro	Íleon	Rastro	Tejido	O:3,10:e,h:1,6	Anatum
10	BRANDEROUP							
11	18-CIES-0566	15/AGO/2018	Rastro	Íleon	Rastro	Tejido	O:3,10:e,h:1,6	Anatum
12	18-CIES-0567	15/AGO/2018	Rastro	Íleon	Rastro	Tejido	O:3,10:e,h:1,6	Anatum
13	18-CIES-0569	24/SEP/2017	G.Recoveco	Pool de heces de cerdas	Gestación	Materia fecal	O:3,10:e,h:1,6	Anatum
14	18-CIES-0574	24/SEP/2017	G.Recoveco	Agua de desecho	Fosa común	Agua	O:3,10:e,h:1,6	Grupo E1, E2-E4
15	Branderoup							

Cepas estándar: CDC H9812 *Salmonella* Branderoup

Cuadro 5. Características de aislamiento (tipo de muestra, origen, fórmula antigénica) *Salmonella* Anatum obtenidas de muestras ambientales y pacientes clínicos.

Carril	Registro CIES	Fecha de aislamiento	Tipo de muestra	Origen de la muestra	Formula antígeno	Serovar
1	Branderoup					
2	10-CIES-00001	01-Oct-09	Agua	Guasave	O:3,15:e,h:1,6	Anatum
3	10-CIES-00005	08-Oct-09	Agua	La Cruz de Elota	O:3,10:e,h:1,6	Anatum
4	10-CIES-00010	20-Oct-09	Agua	Escuinapa	O:3,10:e,h:1,6	Anatum
5	Branderoup					
6	10-CIES-00019	02-Nov-09	Agua	Guasave	O:3,10:e,h:1,6	Anatum
7	10-CIES-00018	04-Nov-09	Agua	Ahome	O3,10:e,h:1,6	Anatum
8	10-CIES-00012	11-Nov-09	Agua	Guasave	O:3,10:e,h:1,6	Anatum
9	10-CIES-00049	28-ene-10	Agua	Culiacán	O:3,15:e,h:1,6	Anatum
10	Branderoup					
11	13-CIES -0254	06-May-13	AGUA	Navolato	O3,10:e,h:1,6	Anatum
12	13-CIES-345	10-Jun-13	SEDIMENTO	Ahome	O3,10:e,h:1,6	Anatum
13	13-CIES-0509	22-Ago-13	HECES	Culiacán	O3,10:e,h:1,6	Anatum
14	13-CIES-0526	23-Ago-13	HECES	Culiacán	O3,10:e,h:1,6	Anatum
15	Branderoup					

Cepas estándar: CDC H9812 Salmonella Branderoup

3.7 DISCUSIÓN

Todas las cepas analizadas mostraron el gen *invA* mediante el análisis de PCR, un marcador altamente conservado del género *Salmonella* en la región 16S, lo que confirma la presencia de este patógeno en todas las muestras evaluadas (Sunar *et al.*, 2014). Este hallazgo sugiere una elevada prevalencia de *Salmonella* en las distintas fuentes analizadas. Lo cual concuerda plenamente con numerosos estudios que reportan tasas desde un 70% al 100 % de positividad entre aislados confirmados de *Salmonella* en matrices clínicas, alimentarias, animales y ambientales (Malorny *et al.*, 2003; Mainar-Jaime *et al.*, 2008)

El 100% de las cepas procesadas comparten la misma fórmula antigénica O:3,10:e,h:1,6, que corresponde al serovar Anatum. Esta uniformidad antigénica, junto con la alta similitud genética y la detección de *invA*, refuerza que los aislamientos pertenecen a un mismo serovar y probablemente a clones relacionados que están circulando entre humanos, cerdos y ambientes. Estudios previos han documentado brotes de *S. Anatum* vinculados a fórmula láctea infantil contaminada, donde se observaron pulsotipos clonalmente similares entre aislamientos humanos y ambientales (Gunn *et al.*, 2016).

Encontrar que 22 cepas de *Salmonella* Anatum provenientes de cerdos, pacientes clínicos y medio ambiente que comparten al menos un 83 % de similitud por PFGE sugiere un complejo clonal circulando a través de los años 2009 y 2018 entre reservorios animales (cerdos), ambientes hídricos y casos humanos. Este nivel de similitud supera lo esperado para cepas de distintas fuentes, ya que valores superiores al 80 % según el índice de Jaccard suelen considerarse indicativos de un linaje compartido o de una estrecha conexión epidemiológica (Tenover *et al.*, 1995; Ribot *et al.*, 2006). Resultados semejantes han sido documentados en investigaciones donde *S. Anatum* ha mostrado persistencia clonal en la cadena porcina (Antunes y Peixe, 2019; Garfio-Romero *et al.*, 2022), así como en estudios de cuerpos de agua provenientes de zonas agrícolas/rurales donde se identifican cepas con perfiles PFGE altamente similares y que consideran a las superficies hídricas como reservorios y/o ruta de transmisión de *Salmonella* (McEgan *et al.*,

2014; Miller et al., 2022; Jokinen et al., 2011). A nivel internacional, los brotes de *S. Anatum* han mostrado patrones de similitud genética. En Estados Unidos y el Reino Unido se han descrito brotes de origen alimentario vinculados a cepas con perfiles PFGE ≥ 85 %, lo que demuestra la capacidad de *Salmonella* para generar eventos epidémicos y mantenerse en ambientes de producción y distribución de alimentos (Hassan et al., 2017; Davies et al., 2022). En estudios ambientales centrados en aguas superficiales en México, se identificaron cepas de *S. Anatum* distribuidas en amplias regiones geográficas, y aunque el análisis fue mediante Tipificación de Secuencias Multilocus (MLST, por sus siglas en inglés) y Polimorfismo de un Solo Nucleótido (SNP, por sus siglas en inglés), se confirmó una alta diversidad y presencia de cepas clonalmente relacionadas, subrayando el papel de cuerpos de agua como focos de transmisión entre fuentes animales, vegetales y humanas (Ballesteros-Nova et al., 2022).

Desde otra perspectiva, un metaanálisis sobre serovares en alimentos de origen animal (carne de res, cerdo y mariscos) concluyó que *S. Anatum* está entre los serovares más frecuentes en carne de res y productos derivados del cerdo, lo que refleja su amplia distribución y potencial zoonótico en múltiples cadenas alimentarias (Ferrari et al., 2019). Este hallazgo coincide con lo reportado en estudios recientes en México, donde se ha documentado un incremento preocupante de los serovares *S. Anatum* asociados a enfermedades transmitidas por alimentos, especialmente en carne molida de res y cerdo (Reynoso et al., 2024). La coincidencia de estos hallazgos reportados por otros investigadores, con lo que se reporta en este estudio, plantea una alerta epidemiológica sobre la detección de cepas altamente similares en matrices animales, ambientales y humanas, junto con su identificación creciente en productos cárnicos de consumo nacional, cual evidencia la necesidad de programas de vigilancia integrados bajo el enfoque de Una Salud. Asimismo, nuestros resultados sugieren que la carne y los cuerpos de agua podrían actuar como vehículos de diseminación clonal, incrementando el riesgo de exposición humana y la posibilidad de brotes.

3.8 CONCLUSIONES

El análisis de cepas de *Salmonella* Anatum provenientes de cerdos, pacientes clínicos y medio ambiente mostró similitudes genéticas superiores al 83 % según el índice de Jaccard, lo que evidencia la circulación de un linaje clonal estrechamente relacionado entre estos reservorios. Esta homogeneidad genética, sumada a los reportes nacionales de aumento de *S. Anatum* en carne molida de res y cerdo, confirma que este serovar está emergiendo como un patógeno relevante de transmisión alimentaria y ambiental en México. En conjunto, los hallazgos refuerzan la necesidad de vigilancia epidemiológica activa, programas de bioseguridad en la producción animal y monitoreo ambiental, bajo el enfoque de Una Salud, para mitigar los riesgos de diseminación de este linaje clonal y proteger la salud humana, animal y del ecosistema.

IV. LITERATURA CITADA

- Abatcha M G, Zakaria Z, Kaur D G y Thong K L. (2014). Review Article: A trends of *Salmonella* and antibiotic resistance. *Adv Life Sci Technol*.
- Alba-López, M., Jaramillo-Tovar, J. G., y Vásquez-Martínez, D. S. (2023). Salmonelosis, historia natural de la enfermedad. *TEPEXI Boletín Científico De La Escuela Superior Tepeji Del Río*, 10(20), 38-40. <https://doi.org/10.29057/estr.v10i20.9774>
- Andino, A., y Hanning, I. (2015). *Salmonella* enterica: Survival, colonization, and virulence differences among serovars. *The Scientific World Journal*, 2015, 520179. <https://doi.org/10.1155/2015/520179>
- Andino, A., y Hanning, I. (2015). *Salmonella enterica*: Survival, colonization, and virulence differences among serovars. *The Scientific World Journal*, 2015, 520179. <https://doi.org/10.1155/2015/520179>
- Aria, M., y Cuccurullo, C. (2017). *bibliometrix*: An R-tool for comprehensive science mapping analysis. *Journal of Informetrics*, 11(4), 959–975. <https://doi.org/10.1016/j.joi.2017.08.007>
- B.R. Berends; H.A.P. Urlings; J.M.A. Snijders; F. Van Knapen. (1996). *Identification and quantification of risk factors in animal management and transport regarding Salmonella spp. in pigs.* , 30(1-2), 37–53. doi:10.1016/0168-1605(96)00990-7
- Ballesteros-Nova, N. E., Sánchez, S., Steffani, J. L., Sierra, L. C., Chen, Z., Ruíz-López, F. A., Bell, R. L., Reed, E. A., Balkey, M., Rubio-Lozano, M. S., Soberanis-Ramos, O., Barona-Gómez, F., Brown, E. W., Allard, M. W., Meng, J., y Delgado-Suárez, E. J. (2022). Genomic Epidemiology of *Salmonella* enterica Circulating in Surface Waters Used in Agriculture and Aquaculture in Central Mexico. *Applied and Environmental Microbiology*, 88(5), e02149-21. <https://doi.org/10.1128/aem.02149-21>
- Barrow, P. A., Jones, M. A., y Thomson, N. (2010). *Salmonella*. In *Pathogenesis of Bacterial Infections in Animals* (pp. 231–265). DOI:10.1002/9780470958209

- Bonardi, S. (2017). *Salmonella* in the pork production chain and its impact on human health in the European Union. *Epidemiology and Infection*, 145(8), 1513–1526. <https://doi.org/10.1017/S095026881700036X>
- Brown, E. W., Bell, R., Zhang, G., Timme, R., Zheng, J., Hammack, T. S., y Allard, M. W. (2021). *Salmonella* Genomics in Public Health and Food Safety. *EcoSal Plus*, 9(2), eESP00082020. <https://doi.org/10.1128/ecosalplus.ESP-0008-2020>
- Buehler, A. J., Wiedmann, M., Kassaify, Z., y Cheng, R. A. (2019). Evaluation of invA Diversity among *Salmonella* Species Suggests Why Some Commercially Available Rapid Detection Kits May Fail To Detect Multiple *Salmonella* Subspecies and Species. *Journal of Food Protection*, 82(4), 710–717. <https://doi.org/10.4315/0362-028X.JFP-18-525>
- Carrascal-Camacho, Ana Karina, Barrientos-Anzola, Irina, Sampedro, Fernando, Rojas, Fernando, Pérez, Mónica, Dalsgaard, Anders, Pulido-Villamarín A., Adriana, y Camacho-Carrillo, María Alejandra. (2023). Presencia de *Salmonella* spp en plantas de beneficio porcícolas en Colombia: revisión sistemática y metaanálisis. *Revista de Investigaciones Veterinarias del Perú*, 34(6), e25111. Epub 31 de diciembre de 2023. <https://doi.org/10.15381/rivep.v34i6.25111>
- Casanova-Higes, A., Marín-Alcalá, C. M., Andrés-Barranco, S., Cebollada-Solanas, A., Álvarez, J., y Mainar-Jaime, R. C. (2019). Weaned piglets: another factor to be considered for the control of *Salmonella* infection in breeding pig farms. *Veterinary Research*, 50, 45. <https://doi.org/10.1186/s13567-019-0666-7>
- Centers for Disease Control and Prevention. (2013). *PulseNet standard operating procedure for Pulse-Field Gel Electrophoresis (PFGE) of Salmonella serotypes* (PNL05). <https://www.cdc.gov/pulsenet/pdf/salmonella-pfge-protocol-508c.pdf>
- Chang, Y.-J., Chen, C.-L., Yang, H.-P., y Chiu, C.-H. (2022). Prevalence, Serotypes, and Antimicrobial Resistance Patterns of Non-Typhoid *Salmonella* in Food in

<https://doi.org/10.3390/pathogens11060705>

- Crump, J. A., y Wain, J. (2017). *Salmonella*. In S. R. Quah (Ed.), *International Encyclopedia of Public Health (Second Edition)* (pp. 425–433). Academic Press. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-803678-5.00394-5>
- Davies, R. H., McLaren, I. M., y Bedford, S. (1999). Observations on the distribution of *Salmonella* in a pig abattoir. *The Veterinary record*, 145(23), 655–661.
- Davies, N., Jørgensen, F., Willis, C., McLauchlin, J., y Chattaway, M. A. (2022). Whole genome sequencing reveals antimicrobial resistance determinants (AMR genes) of *Salmonella enterica* recovered from raw chicken and ready-to-eat leaves imported into England between 2014 and 2019. *Journal of applied microbiology*, 133(4), 2569–2582. <https://doi.org/10.1111/jam.15728>
- Deng, X., Li, S., Xu, T., Zhou, Z., Moore, M. M., Timme, R., Zhao, S., Lane, C., Dinsmore, B. A., Weill, F., y Fields, P. I. (2025). *Salmonella* serotypes in the genomic era: simplified *Salmonella* serotype interpretation from DNA sequence data. *Applied and environmental microbiology*, 91(3), e0260024. <https://doi.org/10.1128/aem.02600-24>
- Diep, B., Barretto, C., Portmann, A. C., Fournier, C., Karczmarek, A., Voets, G., Li, S., Deng, X., y Klijn, A. (2019). *Salmonella* Serotyping; Comparison of the Traditional Method to a Microarray-Based Method and an *in silico* Platform Using Whole Genome Sequencing Data. *Frontiers in microbiology*, 10, 2554. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.02554>
- Dirección General de Epidemiología (DGE). (2024). Boletín Epidemiológico, Sistema Nacional de Vigilancia Epidemiológica, Sistema Único de Información [Epidemiological Bulletin, National System of Epidemiological Surveillance, Single Information System].
- Donthu, N., Kumar, S., Mukherjee, D., Pandey, N., y Lim, W. M. (2021). How to conduct a bibliometric analysis: An overview and guidelines. *Journal of Business Research*, 133, 285–296. <https://doi.org/10.1016/j.jbusres.2021.04.070>

- Ellegaard, O., y Wallin, J. A. (2015). The bibliometric analysis of scholarly production: How great is the impact? *Scientometrics*, 105(3), 1809–1831. <https://doi.org/10.1007/s11192-015-1645-z>
- Ferrari, R. G., Rosario, D. K. A., Cunha-Neto, A., Mano, S. B., Figueiredo, E. E. S., y Conte-Junior, C. A. (2019). Worldwide Epidemiology of *Salmonella* Serovars in Animal-Based Foods: a Meta-analysis. *Applied and environmental microbiology*, 85(14), e00591-19. <https://doi.org/10.1128/AEM.00591-19>
- Garfio-Romero, A., Silva-Hidalgo, G., Rendón-Maldonado, J., Simental, L., Beltrán-Fernández, S., y Romo-Rubio, J. (2022). Similitud genética de serovares de *Salmonella* aisladas de granjas de cerdos en Sinaloa, México. *Abanico Veterinario*, 12, e2021-87. <http://dx.doi.org/10.21929/abavet2022.28>
- González-Alcaide, G., Park, J., Huamaní, C., y Ramos, J. M. (2017). Dominance and leadership in research activities: Collaboration between countries of differing human development is reflected through authorship order and designation as corresponding authors in scientific publications. *PLOS ONE*, 12(e0182513). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0182513>
- Han J, Aljahdali N, Zhao S, Tang H, Harbottle H, Hoffmann M, Frye JG, Foley SL. (2024). Infection biology of *Salmonella enterica*. 12:eesp-0001-2023. <https://doi.org/10.1128/ecosalplus.esp-0001-2023>
- Hassan, R., Rounds, J., Sorenson, A., Leos, G., Concepción-Acevedo, J., Griswold, T., Tesfai, A., Blessington, T., Hardy, C., y Basler, C. (2017). Multistate Outbreak of *Salmonella* Anatum Infections Linked to Imported Hot Peppers — United States, May–July 2016. *MMWR. Morbidity and Mortality Weekly Report*, 66, 663–667. <https://doi.org/10.15585/mmwr.mm6625a2>
- Hurd, H. S., Gailey, J. K., McKean, J. D., y Rostagno, M. H. (2001). Rapid infection in market-weight swine following exposure to a *Salmonella* typhimurium-contaminated environment. *American journal of veterinary research*, 62(8), 1194–1197. <https://doi.org/10.2460/ajvr.2001.62.1194>

- Kahsay, A. G., Dejene, T. A., y Kassaye, E. (2023). A Systematic review on Prevalence, Serotypes and Antibiotic resistance of *Salmonella* in Ethiopia, 2010–2022. *Infection and Drug Resistance*, 16, 6703–6715. <https://doi.org/10.2147/IDR.S424345>
- Kılıç Altun, S., Aydemir, M. E., y Alkan, S. (2025). A global bibliometric analysis of *Salmonella* Typhi over the past 52 years (1970–2022). *The Journal of Infection in Developing Countries*, 19(05), 691–698. <https://doi.org/10.3855/jidc.17946>
- Li, H., Wu, Y., Feng, D., Jiang, Q., Li, S., Rong, J., Zhong, L., Methner, U., Baxter, L., Ott, S., Falush, D., Li, Z., Deng, X., Lu, X., Ren, Y., Kan, B., y Zhou, Z. (2024). Centralized industrialization of pork in Europe and America contributes to the global spread of *Salmonella* enterica. *Nature Food*, 5(5), 413–422. <https://doi.org/10.1038/s43016-024-00968-1>
- Lou, L., Zhang, P., Piao, R., y Wang, Y. (2019). *Salmonella* Pathogenicity Island 1 (SPI-1) and Its Complex Regulatory Network. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, Volume 9-2019. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2019.00270>
- Mainar-Jaime, R.C., Atashparvar, N. and Chirino-Trejo, M. (2008), Estimation of the Diagnostic Accuracy of the *invA*-gene-based PCR Technique and a Bacteriological Culture for the Detection of *Salmonella* spp. in Caecal Content from Slaughtered Pigs using Bayesian Analysis. *Zoonoses and Public Health*, 55: 112-118. <https://doi.org/10.1111/j.1863-2378.2007.01096.x>
- Malorny, B., Hoorfar, J., Hugas, M., Heuvelink, A., Fach, P., Ellerbroek, L., Bunge, C., Dorn, C., y Helmuth, R. (2003). Interlaboratory diagnostic accuracy of a *Salmonella* specific PCR-based method. *International Journal of Food Microbiology*, 89(2), 241–249. [https://doi.org/10.1016/S0168-1605\(03\)00154-5](https://doi.org/10.1016/S0168-1605(03)00154-5)
- McEgan, R., Chandler, J. C., Goodridge, L. D., y Danyluk, M. D. (2014). Diversity of *Salmonella* isolates from central Florida surface waters. *Applied and environmental microbiology*, 80(21), 6819–6827. <https://doi.org/10.1128/AEM.02191-14>

- Moral-Muñoz, J. A., Herrera-Viedma, E., Santisteban-Espejo, A., y Cobo, M. J. (2020). Software tools for conducting bibliometric analysis in science: An up-to-date review. *Professional de la Información*, 29(1), e290103. <https://doi.org/10.3145/epi.2020.ene.03>
- Portaliou, A. G., Tsolis, K. C., Loos, M. S., Zorzini, V., y Economou, A. (2016). Type III Secretion: Building and Operating a Remarkable Nanomachine. *Trends in Biochemical Sciences*, 41(2), 175–189. <https://doi.org/10.1016/j.tibs.2015.09.005>
- Que, F., Wu, S., y Huang, R. (2013). *Salmonella* pathogenicity island 1(SPI-1) at work. *Current microbiology*, 66(6), 582–587. <https://doi.org/10.1007/s00284-013-0307-8>
- Real, R., y Vargas, J. M. (1996). The Probabilistic Basis of Jaccard's Index of Similarity. *Systematic Biology*, 45(3), 380–385. <https://doi.org/10.1093/sysbio/45.3.380>
- Reynoso, E. C., Delgado-Suárez, E. J., Hernández-Pérez, C. F., Chavarin-Pineda, Y., Godoy-Lozano, E. E., Fierros-Zárata, G., Aguilar-Vera, O. A., Castillo-Ramírez, S., Gómez-Pedroso, L. d. C. S., y Sánchez-Zamorano, L. M. (2024). Geography, Antimicrobial Resistance, and Genomics of *Salmonella enterica* (Serotypes Newport and Anatum) from Meat in Mexico (2021–2023). *Microorganisms*, 12(12), 2485. <https://doi.org/10.3390/microorganisms12122485>
- Ribot, E. M., Fair, M. A., Gautom, R., Cameron, D. N., Hunter, S. B., Swaminathan, B., y Barrett, T. J. (2006). Standardization of pulsed-field gel electrophoresis protocols for the subtyping of *Escherichia coli* O157:H7, *Salmonella*, and *Shigella* for PulseNet. *Foodborne Pathogens and Disease*, 3(1), 59–67. <https://doi.org/10.1089/fpd.2006.3.59>
- Roldan-Henao, M., Dalsgaard, A., Cardona-Castro, N., Restrepo-Rivera, L., Veloza-Angulo, L. C., y Alban, L. (2023). Pilot study of the productivity and *Salmonella* seroprevalence in pigs administered organic acids. *Frontiers in Veterinary Science*, Volume 10-2023. <https://doi.org/10.3389/fvets.2023.1123137>

- Ryan, K. J., y Ray, C. G. (2017). In *Sherris. Microbiología médica*, 6e. McGraw-Hill Education.
- Santana, A. M., Silva, D. G. da, Maluta, R. P., Pizauro, L. J. L., Simplício, K. M. de M. G., Santana, C. H., Rodrigues, S. de A. D., Rodrigues, D. dos P., y Fagliari, J. J. (2020). Comparative Analysis Using Pulsed-Field Gel Electrophoresis Highlights a Potential Transmission of *Salmonella* Between Asymptomatic Buffaloes and Pigs in a Single Farm. *Frontiers in Veterinary Science*, 7. <https://www.frontiersin.org/journals/veterinary-science/articles/10.3389/fvets.2020.552413>
- Schwartz, David C. y Cantor, Charles R. (1984). *Separation of yeast chromosome-sized DNAs by pulsed field gradient gel electrophoresis*. *Cell*, 37(1), 67–75. [https://doi.org/10.1016/0092-8674\(84\)90301-5](https://doi.org/10.1016/0092-8674(84)90301-5)
- Sedano Sánchez, A. F., Fernández-Castro, P., Gavilán Chávez, R. G., Calle Espinoza, S. Y., y Siuce, J. (2024). Caracterización de serovares no tifoideos de *Salmonella* enterica de origen humano y aviar mediante Electroforesis en Gel de Campo Pulsado (PFGE) de Lima, Perú. *Revista De Investigaciones Veterinarias Del Perú*, 35(5), e29291. <https://doi.org/10.15381/rivep.v35i5.29291>
- Seif Yara, Erol Kavvas, Jean-Christophe Lachance, James T. Yurkovich, Sean-Paul Nuccio, Xin Fang, Edward Catoi, Manuela Raffatellu, Bernhard O. Palsson, y Jonathan M. Monk. (2018). “Genome-Scale Metabolic Reconstructions of Multiple *Salmonella* Strains Reveal Serovar-Specific Metabolic Traits.” *Nature Communications* 9(1):3771. <https://doi.org/10.1038/s41467-018-06112-5>
- Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera (SIAP). (2025). Anuario Estadístico de la Producción Ganadera. http://nube.agricultura.gob.mx/cierre_pecuario/
- Simons, R.R.L., Hill, A.A., Swart, A., Kelly, L. and Snary, E.L. (2016), A Transport and Lairage Model for *Salmonella* Transmission Between Pigs Applicable to EU Member States. *Risk Analysis*, 36: 482-497. <https://doi.org/10.1111/risa.12390>

- Stanaway, J. D., Parisi, A., Sarkar, K., Blacker, B. F., Reiner, R. C., Hay, S. I., Nixon, M. R., Dolecek, C., James, S. L., Mokdad, A. H., Abebe, G., Ahmadian, E., Alahdab, F., Alemnew, B. T., Alipour, V., Ansari, F., Arabloo, J., Asfaw, E. T., Bagherzadeh, M., ... Murray, C. J. L. (2019). *The global burden of non-typhoidal Salmonella invasive disease: a systematic analysis for the Global Burden of Disease Study 2017*. *The Lancet Infectious Diseases*, 19(12), 1312–1324. [https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(19\)30418-9](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(19)30418-9)
- Stepan, R. M., Sherwood, J. S., Petermann, S. R., y Logue, C. M. (2011). Molecular and comparative analysis of *Salmonella enterica* Senftenberg from humans and animals using PFGE, MLST and NARMS. *BMC Microbiology*, 11(1), 153. <https://doi.org/10.1186/1471-2180-11-153>
- Sunar, N. M., Stentiford, E. I., Stewart, D. I., y Fletcher, L. A. (2014). *Molecular techniques to characterize the invA genes of Salmonella spp. for pathogen inactivation study in composting*. *PeerJ Preprints*.
- Tenover, F. C., Arbeit, R. D., Goering, R. V., Mickelsen, P. A., Murray, B. E., Persing, D. H., y Swaminathan, B. (1995). Interpreting chromosomal DNA restriction patterns produced by pulsed-field gel electrophoresis: Criteria for bacterial strain typing. *Journal of Clinical Microbiology*, 33(9), 2233–2239. <https://doi.org/10.1128/jcm.33.9.2233-2239.1995>
- D, W. M., y A, G. E. (2004). Evolution and Ecology of *Salmonella*. *EcoSal Plus*, 1(1), 10.1128/ecosalplus.6.4.6. <https://doi.org/10.1128/ecosalplus.6.4.6>
- World Health Organization. (2018). *Salmonella (non-typhoidal) – Fact sheet*. <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/salmonella-%28non-typhoidal%29>
- Yan, S., Zhang, W., Li, C., Liu, X., Zhu, L., Chen, L., y Yang, B. (2021). Serotyping, MLST, and Core Genome MLST Analysis of *Salmonella enterica* From Different Sources in China During 2004-2019. *Frontiers in microbiology*, 12, 688614. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.688614>
- Yanestria, S. M., Rahmaniar, R. P., Wibisono, F. J., y Effendi, M. H. (2019). Detection of *invA* gene of *Salmonella* from milkfish (*Chanos chanos*) at

Sidoarjo wet fish market, Indonesia, using polymerase chain reaction technique. *Veterinary world*, 12(1), 170–175.
<https://doi.org/10.14202/vetworld.2019.170-175>

V. ANEXOS

Fórmula de los medios de cultivo

Caldo Base Tetratonato.

La Base de Caldo Tetratonato es utilizada para el enriquecimiento de especies de *Salmonella* en heces.

Formula (g/litro):

Mezcla de peptonas	5.0 g
Carbonato de Calcio	10.0 g
Sales biliares	1.0 g
Tiosulfato de sodio	30.0 g

Medio semisólido modificado Rappaport Vassiliadis.

Medio utilizado para la detección de motilidad de *Salmonella* en heces y productos alimenticios

Fórmula (g/litro):

Triptosa	4.59 g
Caseína ácida hidrolizada	4.59 g
Cloruro de sodio	7.34 g
Fosfato monopotásico	1.47 g
Cloruro de magnesio (anhídrido)	10.93 g 37.0 g
Oxalato de verde malaquita	2.7 g
Agar	

Agar XLT4

Agar base para aislamiento y diferenciación de *Salmonella* basado en la fermentación de la xilosa, lactosa y sucrosa, descarboxilación de lisina y producción de ácido sulfhídrico.

Fórmula (g/litro):

Proteose Peptone No. 3	1.6 g
Extracto de levadura	3.0 g
L-Lisina	5.0 g
Xilosa	3.75 g
Lactosa	7.5 g
Sacarosa	7.5 g
Citrato de hierro y amonio	0.8 g
Tiosulfato de Sodio	6.8 g
	5.0 g

Suplemento de Agar Base XLT4

Surfactante de Tergitol 4 solución al 27%

(7-etil-2-metil-4-undecanol sulfuro de hidrógeno, cloruro de sodio).

Suplemento antimicrobiano Novobiocina

Fórmula (mg/10 mL)

Novobiocina sódica	20mg
--------------------	------

Base agar sangre

Fórmula (g/litro)

Infusión de músculo cardíaco	10.0g
------------------------------	-------

Peptona de carne	10.0 g
------------------	--------

Cloruro de sodio	5.0 g
------------------	-------